

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶: C12N 15/00	A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META-GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.</i>
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE (57) Abstract <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.</p> (57) Zusammenfassung <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland		Republik Mazedonien	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	ML	Mali	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MN	Mongolei	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MR	Mauretanien	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MW	Malawi	US	Vereinigte Staaten von
CA	Kanada	IT	Italien	MX	Mexiko		Amerika
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CG	Kongo	KE	Kenia	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CM	Kamerun		Korea	PL	Polen		
CN	China	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CU	Kuba	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CZ	Tschechische Republik	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
DE	Deutschland	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DK	Dänemark	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
EE	Estland	LR	Liberia	SG	Singapur		

Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Ovariumtumorgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung. Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

- 10 Eine der Hauptkrebstodesursachen bei Frauen ist das Ovarialkarzinom, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bisher verwendete Therapien, wie z.B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.
- 15 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine
- 20 Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z.B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bösartigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die
- 25 experimentelle Herangehensweise sehr.

- Für die Suche nach Kandidatengenen, d.h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags)
- 30 sind Sequenzen von cDNAs, d.h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen widerspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z.T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350
- 35 Nukleotide lang. Sie representieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Muster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der
- 40 cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden können.
- 45 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem jeweiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig.3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich
- 50 größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehendst vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden

Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1 – 2b4 dargestellt.

5 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Ovarialkarzinom eine Rolle spielen.

10 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

15 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273.

20 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

25 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen
30 davon, die eine 90%ige bis 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, die im Ovariumgewebe erhöht exprimiert sind.

35 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108, 112, die im Brusttumorgewebe erhöht exprimiert sind.

40 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 hybridisieren.

45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

50 Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen zusammen mit mindestens einer

dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder antisense Orientierung eingefügt sein.

- 5 In der Literatur sind ist eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die verwendet werden können.

Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, ϕ X174, pBluescript SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRIT5 (Pharmacia), 10 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 15 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda PR, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

- 20 Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 25 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 30 Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den 35 Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetischen Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

- 40 Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

- 45 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren.

- 50 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen Seq. ID No 124-257, 274-307.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der Seq. ID No 124-257, 274-307 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Antikörper können u.a. durch ein Phage Display Verfahren identifiziert werden. Auch diese Antikörper sind Gegenstand der Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen können in einem Phage Display Verfahren verwendet werden. Die mit diesem Verfahren identifizierten Polypeptide, die an die erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen binden, sind auch Gegenstand der Erfindung.

Ebenso können die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen in einem Phage Display Verfahren verwendet werden.

Die Erfindung betrifft auch Phage-Display Phagen, die gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 kodiert werden.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-305 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-305 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genomische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genomische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/ oder Enhancern.

5 Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) werden genomische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ
10 Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genomischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genomischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone
15 können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

20 Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

- Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genomische Gene (Chromosomen).
- 25 ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.
- Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus)
- 30 Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält
- Modul = Domäne eines Proteins mit einer definierten Sequenz, die eine strukturelle Einheit darstellt und in unterschiedlichen Proteinen vorkommt
- 35 N = wahlweise das Nukleotid A, T, G oder C
- 40 X = wahlweise eine der 20 natürlich vorkommenden Aminosäuren

45 Erklärung zu den Alignmentparametern

- minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich
- maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

5 **Erklärung der Abbildungen**

- Fig. 1 zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.
- 10 Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 2b1-2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung
- Fig. 3 zeigt die in silico Subtraktion der Genexpression in
15 verschiedenen Geweben
- Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.
- 20 Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern
- Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.

Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfindung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken.

5

Beispiel 1

Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

10

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Genbereiche darstellten.

30 Fig. 2b1-2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Ovartumorgewebe ESTs.

Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

Beispiel 2

Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

2.1 Elektronischer Northern-Blot

Zu einer partiellen DNA-Sequenz *S*, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) *J. Mol. Biol.*, 215, 403-410), BLAST2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) *Nucleic Acids Research* 25 3389-3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 85 2444-2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) Gewebespezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz *S* werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

2.1.1

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 68 gefunden, die 6,08 .x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0195	0.0179	1.0896	0.9178
	Brust	0.0141	0.0244	0.5758	1.7366
40	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0126	0.0082	1.5299	0.6536
45	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0847	0.1300	7.6946
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
	Herz	0.0233	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
50	Lunge	0.0062	0.0143	0.4355	2.2964
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
55	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000

	Prostata	0.0153	0.0043	3.5827	0.2791
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
5	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0235			
10	Weisse_Blutkoerperchen	0.0147			
	Zervix	0.0426			

	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
15	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
20	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
25	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			

30	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
35	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
40	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0479			
	Sinnesorgane	0.0000			
45	Uterus_n	0.0083			

2.1.2

Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 86 gefunden, die 7,82 x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
	Blase	0.0117	0.0128	0.9153	1.0926
	Brust	0.0090	0.0169	0.5293	1.8893
15	Duennndarm	0.0092	0.0331	0.2781	3.5964
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0426	0.4795	2.0856
	Gastrointestinal	0.0211	0.0185	1.1390	0.8780
	Gehirn	0.0274	0.0195	1.4020	0.7133
20	Haematopoetisch	0.0107	0.1136	0.0941	10.6267
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
	Herz	0.0307	0.0137	2.2358	0.4473
	Hoden	0.0115	0.0819	0.1406	7.1142
25	Lunge	0.0104	0.0286	0.3629	2.7557
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0153	1.8908	0.5289
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
	Niere	0.0163	0.0342	0.4758	2.1016
	Pankreas	0.0132	0.0110	1.1966	0.8357
30	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.5277	0.0512	19.5264
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0408	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
35	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0353			
40	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			
FOETUS					
		%Haeufigkeit			
45	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0626			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
50	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0072			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
55	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0997			
	Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
60	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
65	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0000			

	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0097
5	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0155
10	Uterus_n	0.0000

2.1.3

15 Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 114 gefunden, die 6,94.x stärker im normalen Ovargewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

20 Das Ergebnis ist wie folgt:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
25	Blase 0.0117	0.0026	4.5763	0.2185
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
30	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
35	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
40	Niere 0.0136	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0064	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
45	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0445			
50	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0213			
55	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
65	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			

Placenta 0.0000
 Prostata 0.0000
 Sinnesorgane 0.0000

5

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN

%Haeufigkeit

Brust 0.0136
 Eierstock_n 0.0000
 Eierstock_t 0.1418
 Endokrines_Gewebe 0.0000
 Foetal 0.0047
 Gastrointestinal 0.0244
 Haematopoetisch 0.0000
 Haut-Muskel 0.0000
 Hoden 0.0154
 Lunge 0.0000
 Nerven 0.0000
 Prostata 0.0137
 Sinnesorgane 0.0000
 Uterus_n 0.0000

25 In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northern gefunden:

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
30	Blase 0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust 0.0179	0.0075	2.3818	0.4198
	Duenn darm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
35	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
	Gastrointestinal 0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn 0.0059	0.0103	0.5760	1.7362
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
40	Hepatisch 0.0095	0.0129	0.7353	1.3600
	Herz 0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge 0.0052	0.0164	0.3175	3.1494
	Magen-Speiserohre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
45	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas 0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
50	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein 0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0160			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
55	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061			
	Zervix 0.0000			

60

FOETUS

%Haeufigkeit

Entwicklung 0.0000
 Gastrointestinal 0.0083
 Gehirn 0.0125
 Haematopoetisch 0.0157
 Haut 0.0000
 Hepatisch 0.0000

65

	Herz-Blutgefäesse	0.0142
	Lunge	0.0145
	Nebenniere	0.0254
5	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
10	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Häufigkeit	
	Brust	0.0136
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
15	Endokrines_Gewebe	0.0245
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
20	Hoden	0.0154
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0141
	Prostata	0.0205
	Sinnesorgane	0.0000
25	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duendarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0194			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0572	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353	28.3379
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0075	1.8715	0.5343
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0390	0.3070	3.2573
	Endokrines Gewebe	0.0290	0.0376	0.7698	1.2990
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0324	0.6508	1.5365
	Gehirn	0.0126	0.0144	0.8742	1.1439
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0218	0.0204	1.0669	0.9373
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0306	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0217			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0476			
55	Eierstock_n	0.3190			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0113	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0050	1.0189	0.9815
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0010	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0123	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0100	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefäesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 8

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0064	0.0038	1.7013	0.5878
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434	1.8403
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0137	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust	0.0038		0.0019		2.0416	0.4898
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0208		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034		0.0201		0.1698	5.8889
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0081		0.0072		1.1314	0.8839
	Haematopoetisch	0.0000		0.0000		undef	undef
	Haut	0.0037		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0000		undef	undef
15	Herz	0.0021		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0058		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0010		0.0020		0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0000		undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0054		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0017		0.0000		undef	0.0000
	Penis	0.0030		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0043		1.5354	0.6513
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.1583		0.0427	23.4317
25	Uterus_Myometrium	0.0152		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0051		0.0000		undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096					
	Prostata-Hyperplasie	0.0149					
	Samenblase	0.0000					
30	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					
	Zervix	0.0000					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0036					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0000					
	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0000					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0093					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0057					
	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden	0.0309					
	Lunge	0.0000					
	Nerven	0.0100					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0077					
	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0102	0.0038	2.7221	0.3674
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0170	0.0201	0.8491	1.1778
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0126	0.0072	1.7485	0.5719
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0061	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0180	0.7615	1.3133
20	Niere	0.0054	0.0479	0.1133	8.8268
	Pankreas	0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0021	4.0945	0.2442
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust 0.0026	0.0019	1.3611	0.7347
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

35	FOETUS
	%Haeufigkeit
	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefuesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
50	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
	Brust 0.0068
55	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
60	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
65	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0120	0.7139	1.4008
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0087	0.0064	1.3648	0.7327
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0072
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0179	0.6538	1.5296
	Brust	0.0307	0.0226	1.3611	0.7347
	Duennndarm	0.0215	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0074	0.0133	0.5538	1.8057
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0148	0.0137	1.0794	0.9265
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0077	5.0421	0.1983
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0120	1.2850	0.7782
20	Niere	0.0163	0.0274	0.5948	1.6813
	Pankreas	0.0198	0.0166	1.1966	0.8357
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0196	0.0064	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0426			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0458			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0125	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0021	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0104	0.0041	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0251			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
50	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 20

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0019	0.6805	1.4694
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0021	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0137	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0020	3.5562	0.2812
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0165	0.0000	undef
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust 0.0051	0.0019	2.7221	0.3674
	Duenn darm 0.0031	0.0331	0.0927	10.7893
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe 0.0034	0.0100	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal 0.0096	0.0093	1.0354	0.9658
	Gehirn 0.0059	0.0021	2.8798	0.3472
	Haematopoetisch 0.0000	0.0379	0.0000	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0042	0.0061	0.6774	1.4763
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0027	0.0137	0.1983	5.0439
	Pankreas 0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0139			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0000			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0062			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0249			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			
65	Prostata 0.0068			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0077	2.5424	0.3933
	Brust	0.0064	0.0075	0.8507	1.1756
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0153	0.0226	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0081	0.0092	0.8800	1.1364
	Haematopoetisch	0.0067	0.0379	0.1764	5.6676
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0102	0.8129	1.2302
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0180	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0329	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0153	0.0064	2.3885	0.4187
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0136	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0099			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0387			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0263	0.5347	1.8702
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstöck	0.0090	0.0312	0.2878	3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0222	0.0113	1.9635	0.5093
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085
	Magen-Speiseröhre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0300	0.6282	1.5918
20	Niere	0.0163	0.0205	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0083	0.0221	0.3739	2.6743
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0058			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0204	1.1441	0.8741
	Brust	0.0192	0.0470	0.4083	2.4491
	Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0546	0.1645	6.0803
10	Endokrines Gewebe	0.0204	0.0075	2.7170	0.3681
	Gastrointestinal	0.0268	0.0416	0.6443	1.5522
	Gehirn	0.0037	0.0154	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0476	0.0259	1.8382	0.5440
	Herz	0.0095	0.0412	0.2313	4.3235
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0166	0.0184	0.9032	1.1072
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
20	Muskel-Skelett	0.0069	0.0300	0.2284	4.3775
	Niere	0.0543	0.0411	1.3217	0.7566
	Pankreas	0.0363	0.0110	3.2906	0.3039
	Penis	0.0060	0.0267	0.2246	4.4517
	Prostata	0.0218	0.0128	1.7060	0.5862
25	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0535			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0204			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0051	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch	0.0027	0.0379	0.0706	14.1689
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0041
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0038	2.3818	0.4198
	Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0100	1.1887	0.8413
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0031	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0109	0.0043	2.5591	0.3908
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0528	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0217			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0030			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0026	3.0509	0.3278
	Brust	0.0038	0.0113	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0702	0.0426	23.4526
	Endokrines Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0556	0.0278	2.0018	0.4995
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0062	0.0082	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0255	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0357			
	Samenblase	0.0890			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0021	0.0123	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_alloewein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0741	0.8942	1.1183
	Brust	0.0640	0.0846	0.7561	1.3225
	Duennndarm	0.1104	0.0165	6.6733	0.1499
	Eierstock	0.0958	0.1951	0.4912	2.0358
	Endokrines Gewebe	0.0511	0.0426	1.1987	0.8343
10	Gastrointestinal	0.1188	0.1527	0.7781	1.2851
	Gehirn	0.0584	0.0863	0.6771	1.4769
	Haematopoetisch	0.1016	0.1136	0.8940	1.1186
	Haut	0.0698	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0776	0.0613	16.3199
15	Herz	0.1304	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0819	0.2811	3.5571
	Lunge	0.1620	0.1227	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0580	0.1073	0.5402	1.8511
	Muskel-Skelett	0.1016	0.0480	2.1773	0.4593
20	Niere	0.0516	0.0959	0.5381	1.8583
	Pankreas	0.0529	0.1491	0.3545	2.8205
	Penis	0.0749	0.0800	0.9360	1.0684
	Prostata	0.0632	0.0426	1.4843	0.6737
	Uterus_Endometrium	0.0676	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.2309	0.4621	2.1640
	Uterus_allgemein	0.1528	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0480			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1309			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0333			
	Gehirn	0.0626			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0391			
	Lunge	0.0650			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0052			
	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0181			
	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0598	0.0501	19.9782
	Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0052	0.0061	0.8467	1.1810
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.3189	0.0153	20.7988	0.0481
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0286	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0030	0.0072	0.4114	2.4307
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefasse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0070
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0097
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0082
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0137
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0291

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074	1.1021
	DuennDarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0120	0.1428	7.0040
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID-NO: 41

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
30	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0019	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duehndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0260	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0231	0.0828	12.0723
	Gehirn	0.0000	0.0031	0.0000	undef
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0102	0.2032	4.9209
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0010			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0090	0.0263	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0050	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0046	3.7275	0.2683
	Gehirn	0.0081	0.0216	0.3771	2.6517
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0083	0.0020	4.0643	0.2460
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 47

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0117	0.0051	2.2882	0.4370
	Brust 0.0090	0.0019	4.7637	0.2099
	Duennndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz 0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0052	0.0041	1.2701	0.7873
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0180	0.0952	10.5060
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0055	1.4957	0.6686
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
40	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0000			
45	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
	Brust 0.0000			
55	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0152			
	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0000			
60	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Uterus_n 0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0026	6.1018	0.1639
	Brust	0.0179	0.0169	1.0586	0.9446
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0286	0.2093	4.7774
10	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
	Gastrointestinal	0.0287	0.0278	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0229	0.0164	1.3949	0.7169
	Haematopoetisch	0.0107	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz	0.0350	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0239	0.0225	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0262	0.0085	3.0709	0.3256
25	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668	0.2970
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0160			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
30	Samenblase	0.0356			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0208			
	Zervix	0.0000			
35					
40					
45					
50					
55					
60					
65					

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
%Haeufigkeit

55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
60	Foetal	0.0082
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0162
65	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0221
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0155
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0275	0.1542	6.4853
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0021	0.0041	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966	0.8357
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0078		0.0179		0.4358	2.2944
	Brust	0.0064		0.0094		0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0092		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0130		0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051		0.0075		0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0057		0.0000		undef	0.0000
	Gehirn	0.0052		0.0051		1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0080		0.0379		0.2117	4.7230
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0064		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0173		0.0117		1.4759	0.6775
	Lunge	0.0073		0.0102		0.7112	1.4060
	Magen-Speiserohre	0.0097		0.0153		0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0027		0.0137		0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0000		0.0055		0.0000	undef
	Penis	0.0000		0.0000		undef	undef
	Prostata	0.0131		0.0064		2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0068		0.0000		undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000		0.0272		0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0213					

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0188
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0071
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0124
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0087
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0100
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0077
65	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Brust	0.0026	0.0150	0.1701 5.8778
	Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439 6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn	0.0037	0.0072	0.5143 1.9446
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef
	Lunge	0.0062	0.0061	1.0161 0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef 0.0000
20	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411 0.3184
	Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369 2.9678
	Prostata	0.0153	0.0106	1.4331 0.6978
25	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032		
	Prostata-Hyperplasie	0.0178		
	Samenblase	0.0089		
30	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026		
	Zervix	0.0106		

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0213
45	Lunge	0.0072
	Nebenniere	0.1014
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0136
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0052
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0456
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0077
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0040
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0179	0.0038	4.7637	0.2099
	Duenn darm	0.0092	0.0496	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0153	0.0251	0.6113	1.6358
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0155	0.0103	1.5119	0.6614
	Haematopoetisch	0.0040	0.0758	0.0529	18.8919
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0388	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0177	0.0143	1.2338	0.8105
	Magen-Speiseröhre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0274	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0231	0.0221	1.0470	0.9551
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741	2.6732
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0256			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0095			
	Zervix	0.0106			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0278
	Gastrointestinal	0.0056
	Gehirn	0.0125
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0142
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0499
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0023
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0060
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0153	1.5254	0.6555
	Brust	0.0115	0.0113	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0090	0.0286	0.3140	3.1849
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0125	0.8151	1.2268
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0278	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0148	0.0144	1.0285	0.9723
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0106	0.0275	0.3855	2.5941
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0125	0.0123	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0120	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0136	0.0274	0.4956	2.0176
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0192	0.5687	1.7585
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0083
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0520
	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0181
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0126

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.1595
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0017
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0020
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0052	0.0051	1.0079	0.9921
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0020	1.5241	0.6561
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0221	0.0748	13.3713
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0082			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0204	0.1907	5.2444
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duennndarm	0.0061	0.0496	0.1236	8.0920
	Eierstock	0.0120	0.0364	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981	0.5889
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0140	0.0185	0.7600	1.3159
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0138	0.0412	0.3341	2.9932
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0234	0.7445	1.3433
	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0954	0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0153	0.5085	1.9666
	Brust	0.0077	0.0132	0.5833	1.7144
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962	0.2944
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0072	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0153	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0085	0.7677	1.3026
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0182			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0178			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0012			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0128	0.0150	0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0226	0.2264	4.4166
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0074	0.0103	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0085	0.0275	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0060	1.9989	0.5003
20	Niere	0.0217	0.0068	3.1722	0.3152
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0085	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0076			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0585	0.0332	1.7601	0.5681
	Brust	0.0230	0.0132	1.7499	0.5715
	Duenn darm	0.0153	0.0827	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0150	0.0546	0.2741	3.6482
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0150	0.9057	1.1042
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0416	0.4602	2.1730
	Gehirn	0.0163	0.0277	0.5866	1.7046
	Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121
	Haut	0.0404	0.0847	0.4765	2.0985
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0297	0.0412	0.7196	1.3897
	Hoden	0.0863	0.1169	0.7380	1.3551
	Lunge	0.0364	0.0266	1.3678	0.7311
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0767	0.3782	2.6444
	Muskel-Skelett	0.0411	0.0360	1.1422	0.8755
20	Niere	0.0190	0.0137	1.3878	0.7206
	Pankreas	0.0132	0.0497	0.2659	3.7607
	Penis	0.0359	0.0800	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0262	0.0128	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0528	0.6402	1.5621
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_gemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Schilddrüse	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0251			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0528			
	Gehirn	0.1189			
40	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0520			
	Herz-Blutgefäesse	0.0818			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0371			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0499			
	Sinnesorgane	0.0251			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0389			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0120			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
	Endokrines Gewebe	0.0102	0.0251	0.4075	2.4537
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0093	0.8283	1.2072
	Gehirn	0.0140	0.0082	1.7099	0.5848
	Haematopoetisch	0.0053	0.1515	0.0353	28.3379
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0104	0.0184	0.5645	1.7715
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0099	0.0110	0.8974	1.1143
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0375			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0162			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0241			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Brust	0.0000	0.0150	0.0000	undef
	Duennndarm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0139	1.1045	0.9054
	Gehirn	0.0022	0.0154	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0323	0.0000	undef
15	Herz	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	6.3239	0.7179	8.8087	0.1135
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestenstinal	0.2721			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefaessee	0.0036			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0017			
	Gastrointestinal	0.2685			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0077		0.5085	1.9666
	Brust	0.0064		0.0075		0.8507	1.1756
	Duenn darm	0.0245		0.0165		1.4830	0.6743
	Eierstock	0.0090		0.0520		0.1727	5.7908
	Endokrines Gewebe	0.0085		0.0000		undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0153		0.0324		0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0044		0.0123		0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381		0.0970		0.3922	2.5500
15	Herz	0.0074		0.0137		0.5397	1.8529
	Hoden	0.0000		0.0000		undef	undef
	Lunge	0.0052		0.0082		0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0230		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0163		0.0616		0.2643	3.7829
	Pankreas	0.0396		0.0055		7.1795	0.1393
	Penis	0.0060		0.0000		undef	0.0000
	Prostata	0.0065		0.0106		0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0528		0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0068		1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0153		0.2863		0.0534	18.7357
	Brust-Hyperplasie	0.0000					
	Prostata-Hyperplasie	0.0000					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0235					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0043					
	Zervix	0.0319					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0222					
	Gehirn	0.0000					
40	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
	Lunge	0.0036					
45	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0242					
	Prostata	0.0249					
50	Sinnesorgane	0.0000					
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
	Endokrines_Gewebe	0.0245					
	Foetal	0.0122					
	Gastrointestinal	0.0000					
60	Haematopoetisch	0.0228					
	Haut-Muskel	0.0162					
	Hoden	0.0000					
	Lunge	0.0082					
	Nerven	0.0010					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0250					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0102	0.3814	2.6222
	Brust	0.0026	0.0169	0.1512	6.6125
	Duenn darm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0185	0.3106	3.2193
	Gehirn	0.0044	0.0062	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0102	0.3048	3.2806
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0085	0.2559	3.9077
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS %Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0171			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0080			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0288	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0954	0.1067	9.3678
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0342			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0324	0.0075	4.3019	0.2325
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0093	1.4496	0.6898
	Gehirn	0.0111	0.0051	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch	0.0040	0.0379	0.1059	9.4460
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800
15	Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0135	0.0102	1.3209	0.7571
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0109	0.0068	1.5861	0.6305
	Pankreas	0.0099	0.0055	1.7949	0.5571
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0085	1.2795	0.7815
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0130			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.0895	1.1768	0.8498
	Brust	0.0652	0.0846	0.7713	1.2966
	Duenn darm	0.1073	0.0992	1.0813	0.9248
	Eierstock	0.0629	0.1353	0.4649	2.1509
	Endokrines Gewebe	0.0579	0.0451	1.2830	0.7794
10	Gastrointestinal	0.1379	0.2220	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0702	0.0534	1.3153	0.7603
	Haematopoetisch	0.1056	0.1136	0.9293	1.0761
	Haut	0.0587	0.0847	0.6931	1.4427
	Hepatisch	0.0285	0.1035	0.2757	3.6266
15	Herz	0.1293	0.0412	3.1353	0.3189
	Hoden	0.0403	0.1754	0.2296	4.3556
	Lunge	0.0914	0.1063	0.8598	1.1631
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.1840	0.2101	4.7599
	Muskel-Skelett	0.0548	0.1260	0.4351	2.2982
20	Niere	0.0814	0.1438	0.5665	1.7654
	Pankreas	0.0363	0.1878	0.1936	5.1662
	Penis	0.1138	0.0800	1.4227	0.7029
	Prostata	0.0697	0.0958	0.7279	1.3738
	Uterus_Endometrium	0.1824	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0838	0.0951	0.8818	1.1341
	Uterus_allgemein	0.1171	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0671			
	Prostata-Hyperplasie	0.0922			
	Samenblase	0.0712			
30	Sinnesorgane	0.0706			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1448			
	Zervix	0.1810			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.1083			
	Gehirn	0.0500			
40	Haematopoetisch	0.0944			
	Haut	0.2513			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0712			
	Lunge	0.1409			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.1297			
	Placenta	0.0545			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0163			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0090			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0663	0.0895	0.7409	1.3497
	Brust	0.0371	0.0489	0.7591	1.3174
	Duenn darm	0.0766	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0270	0.0754	0.3573	2.7989
	Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0326	0.5225	1.9139
10	Gastrointestinal	0.0805	0.0833	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0177	0.0390	0.4547	2.1992
	Haematopoetisch	0.0896	0.0758	1.1822	0.8459
	Haut	0.0551	0.1695	0.3249	3.0779
	Hepatisch	0.0238	0.0776	0.3064	3.2640
15	Herz	0.0604	0.1237	0.4883	2.0480
	Hoden	0.0288	0.0702	0.4100	2.4391
	Lunge	0.0519	0.0429	1.2096	0.8267
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0843	0.8022	1.2466
	Muskel-Skelett	0.0223	0.0240	0.9280	1.0775
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0132	0.0773	0.1709	5.8500
	Penis	0.0838	0.0533	1.5724	0.6360
	Prostata	0.0567	0.0255	2.2179	0.4509
	Uterus_Endometrium	0.0946	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0762	0.0679	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0505			
	Samenblase	0.0445			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0772			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0305			
	Gehirn	0.0313			
40	Haematopoetisch	0.0393			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0679			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0997			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.1468			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0292			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0468	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0353	0.0164	2.1591	0.4631
	Magen-Speiserohre	0.1836	0.1227	1.4969	0.6681
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0050	0.0221	0.2244	4.4571
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0128	0.1706	5.8615
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.1246			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0036
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

50

55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
60	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
65	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0000

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0301	0.0851	11.7556
	Duerndarm	0.0000	0.0331	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0728	0.0411	24.3213
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0100	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000	undef
	Gehirn	0.0510	0.0596	0.8565	1.1675
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.1695	0.0217	46.1678
	Hepatisch	0.0523	0.1747	0.2996	3.3382
15	Herz	0.0138	0.0137	1.0023	0.9977
	Hoden	0.0000	0.0935	0.0000	undef
	Lunge	0.0073	0.0818	0.0889	11.2478
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0230	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0240	0.2760	0.0869	11.5066
20	Niere	0.3910	0.4108	0.9516	1.0508
	Pankreas	0.1123	0.0387	2.9060	0.3441
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0021	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.2111	0.0320	31.2422
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1838			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.0194			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.2302			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.1632			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0128			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0310			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ-ID-NO: 78

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0153	1.0170	0.9833
	Brust	0.0090	0.0244	0.3664	2.7290
	Duenn darm	0.0123	0.0496	0.2472	4.0460
	Eierstock	0.0090	0.0338	0.2657	3.7640
	Endokrines Gewebe	0.0136	0.0226	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0324	0.5325	1.8779
	Gehirn	0.0044	0.0216	0.2057	4.8614
	Haematopoetisch	0.0254	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2336	0.8107
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0073	0.0286	0.2540	3.9367
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0307	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0068	2.7756	0.3603
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0131	0.0106	1.2284	0.8141
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein	0.005	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.002			
	Prostata-Hyperplasie	0.0010			
	Samenblase	0.002			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			
	Zervix	0.0213			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0250
	Gehirn	0.0063
40	Haematopoetisch	0.0118
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0260
	Herz-Blutgefuesse	0.0178
	Lunge	0.0145
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0371
	Placenta	0.0061
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0377

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
55	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0152
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0256
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0309
	Lunge	0.0164
	Nerven	0.0100
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.1084
	Uterus_n	0.0250

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0273	0.0332	0.8214	1.2174
	Brust	0.0230	0.0188	1.2250	0.8164
	Duenn darm	0.0276	0.0331	0.8342	1.1988
	Eierstock	0.0210	0.0650	0.3224	3.1022
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567
10	Gastrointestinal	0.0172	0.0463	0.3728	2.6827
	Gehirn	0.0118	0.0144	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch	0.0214	0.0379	0.5646	1.7711
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0540	0.0550	0.9830	1.0173
	Hoden	0.0173	0.0585	0.2952	3.3877
	Lunge	0.0322	0.0450	0.7159	1.3969
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
	Muskel-Skelett	0.0240	0.0600	0.3998	2.5014
20	Niere	0.0353	0.0548	0.6443	1.5520
	Pankreas	0.0165	0.0221	0.7479	1.3371
	Penis	0.0150	0.0267	0.5616	1.7807
	Prostata	0.0240	0.0405	0.5926	1.6874
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.1055	0.2561	3.9053
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0068	5.6113	0.1782
	Uterus_allgemein	0.0051	0.1908	0.0267	37.4714
	Brust-Hyperplasie	0.0224			
	Prostata-Hyperplasie	0.0297			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0234			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0253			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0251			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0256			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0583			
60	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0221			
	Prostata	0.0821			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0416			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0026	0.0075	0.3403	2.9389
	Duennndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000	undef
	Gehirn	0.0044	0.0041	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0126			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0093			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0128	0.3051	3.2777
	Brust	0.0141	0.0150	0.9357	1.0687
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0416	0.2159	4.6326
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0176	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0096	0.0139	0.6903	1.4487
	Gehirn	0.0126	0.0031	4.0798	0.2451
	Haematopoetisch	0.0080	0.1136	0.0706	14.1689
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0191	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775
	Lunge	0.0104	0.0164	0.6350	1.5747
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0120	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0131	0.0021	6.1418	0.1628
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0285			
	Lunge	0.0108			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0070			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0065			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0191			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0250			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0435	0.8076	1.2383
	Brust	0.0576	0.0489	1.1778	0.8490
	Duennndarm	0.0337	0.0165	2.0391	0.4904
	Eierstock	0.0659	0.1353	0.4871	2.0531
10	Endokrines Gewebe	0.0801	0.0878	0.9121	1.0963
	Gastrointestinal	0.0441	0.1203	0.3664	2.7294
	Gehirn	0.1072	0.0298	3.5998	0.2778
	Haematopoetisch	0.0201	0.1515	0.1323	7.5568
	Haut	0.0661	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0428	0.0582	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0572	0.0687	0.8327	1.2010
	Hoden	0.0460	0.1988	0.2315	4.3193
	Lunge	0.0416	0.0634	0.6555	1.5255
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0613	0.4727	2.1155
20	Muskel-Skelett	0.0360	0.0180	1.9989	0.5003
	Niere	0.0489	0.0411	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.1371	0.0552	2.4829	0.4028
	Penis	0.0479	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0741	0.0426	1.7402	0.5747
25	Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0534	0.0475	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0407	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0639			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
30	Samenblase	0.0623			
	Sinnesorgane	0.0588			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0546			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0696			
	Gastrointestinal	0.1971			
40	Gehirn	0.0500			
	Haematopoetisch	0.0551			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.1040			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
45	Lunge	0.1120			
	Nebenniere	0.1521			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1212			
	Prostata	0.0748			
50	Sinnesorgane	0.0628			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0262			
60	Gastrointestinal	0.1220			
	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.2211			
65	Nerven	0.0502			
	Prostata	0.0615			
	Sinnesorgane	0.1471			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0077	2.0339	0.4917
	Brust	0.0307	0.0169	1.8147	0.5510
	Duenn darm	0.0123	0.0165	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0120	0.0416	0.2878	3.4745
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0176	1.5526	0.6441
10	Gastrointestinal	0.0153	0.0324	0.4733	2.1127
	Gehirn	0.0192	0.0154	1.2479	0.8013
	Haematopoetisch	0.0147	0.0379	0.3882	2.5762
	Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0238	0.0065	3.6765	0.2720
15	Herz	0.0170	0.0137	1.2836	0.8107
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0177	0.0204	0.8637	1.1579
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891
20	Niere	0.0190	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0132	0.0166	0.7977	1.2536
	Penis	0.0240	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0106	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0416			
	Prostata-Hyperplasie	0.0208			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0087			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0438			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0427			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0377			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0111			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0491			
	Nerven	0.0231			
65	Prostata	0.0342			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0153	2.0339	0.4917
	Brust	0.0192	0.0320	0.6005	1.6654
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0416	0.1439	6.9489
	Endokrines Gewebe	0.0273	0.0451	0.6038	1.6562
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850	0.4024
	Gehirn	0.0177	0.0164	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0174	0.0379	0.4587	2.1798
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0381	0.0065	5.8824	0.1700
15	Herz	0.0159	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0351	0.3280	3.0489
	Lunge	0.0187	0.0123	1.5241	0.6561
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0460	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0109	0.0205	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0083	0.0166	0.4986	2.0057
	Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0131	0.0064	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0405	0.0528	0.7682	1.3018
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0204	1.4964	0.6683
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0327			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0165			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0557			
	Gastrointestinal	0.0222			
	Gehirn	0.0250			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0249			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0151			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0259			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0341			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0102	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0395	0.1296	7.7146
	Duennndarm	0.0092	0.0165	0.5561	1.7982
	Eierstock	0.0030	0.0312	0.0959	10.4234
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000	undef
	Gastrointestinal	0.0038	0.0139	0.2761	3.6217
	Gehirn	0.0081	0.0113	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0020	3.0482	0.3281
	Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933
20	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.1066	0.0281	35.6140
	Prostata	0.0044	0.0043	1.0236	0.9769
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0087			
	Gastrointestinal	0.0244			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0333			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0486	0.4014	2.4911
	Brust	0.0064	0.0338	0.1890	5.2900
	Duennndarm	0.0153	0.0165	0.9268	1.0789
	Eierstock	0.0030	0.0182	0.1645	6.0803
	Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664	1.0348
	Gehirn	0.0052	0.0123	0.4200	2.3811
	Haematopoetisch	0.0361	0.0379	0.9528	1.0496
	Haut	0.0184	0.0847	0.2166	4.6168
	Hepatisch	0.0048	0.0388	0.1225	8.1599
15	Herz	0.0074	0.0962	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0665	0.0573	1.1612	0.8612
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0383	0.5042	1.9833
	Muskel-Skelett	0.0788	0.0300	2.6271	0.3807
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0116	0.0166	0.6980	1.4326
	Penis	0.0000	0.0800	0.0000	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0128			
	Prostata-Hyperplasie	0.0089			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1682			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0111
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0039
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0364
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0557
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0064
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0032
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0125

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	Blase	0.0039		0.0128		0.3051	3.2777
	Brust	0.0153		0.0038		4.0832	0.2449
	Duenn darm	0.0061		0.0000		undef	0.0000
	Eierstock	0.0000		0.0208		0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0068		0.0025		2.7170	0.3681
10	Gastrointestinal	0.0077		0.0046		1.6567	0.6036
	Gehirn	0.0052		0.0021		2.5199	0.3968
	Haematopoetisch	0.0174		0.0000		undef	0.0000
	Haut	0.0844		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0065		0.0000	undef
15	Herz	0.0201		0.0275		0.7324	1.3653
	Hoden	0.0000		0.0117		0.0000	undef
	Lunge	0.0156		0.0061		2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0077		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0034		0.0060		0.5711	1.7510
20	Niere	0.0027		0.0000		undef	0.0000
	Pankreas	0.0050		0.0055		0.8974	1.1143
	Penis	0.0329		0.1066		0.3089	3.2376
	Prostata	0.0022		0.0021		1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0000		0.0000		undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076		0.0000		undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000		0.0000		undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032					
	Prostata-Hyperplasie	0.0030					
	Samenblase	0.0089					
30	Sinnesorgane	0.0118					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121					
	Zervix	0.0852					
35	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0139					
	Gastrointestinal	0.0028					
	Gehirn	0.0063					
40	Haematopoetisch	0.0079					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefasse	0.0107					
	Lunge	0.0000					
45	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0000					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
50	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
	Brust	0.0136					
55	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0087					
	Gastrointestinal	0.0244					
60	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden	0.0154					
	Lunge	0.0164					
	Nerven	0.0020					
65	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Uterus_n	0.0125					

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 90

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0038	0.0169	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0184	0.0165	1.1122	0.8991
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0326	0.1567	6.3796
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0067	0.0062	1.0799	0.9260
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0201	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0083	0.0143	0.5806	1.7223
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef
20	Niere	0.0109	0.0137	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0181			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0077	1.0170	0.9833
	Brust	0.0051	0.0094	0.5444	1.8368
	Duennndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0150	0.7925	1.2619
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0081	0.0082	0.9899	1.0102
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0127	0.0412	0.3084	3.2426
	Hoden	0.0173	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0307	0.2371	4.2179
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0086	0.0060	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994	5.0142
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0000	0.0106	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0106			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0130			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0328			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0274			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0038	0.0132	0.2917	3.4287
	Duennndarm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0182	0.0000	undef
10	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0075	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0000	undef	0.0000
	Herz	0.0011	0.0137	0.0771	12.9706
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Lunge	0.0145	0.0061	2.3708	0.4218
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000
25	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
35	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0139			
	Zervix	0.0106			
40	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0079			
45	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
50	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
55	Brust	0.0068			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
60	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
65	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0040			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0153	0.0000	undef
	Brust	0.0077	0.0113	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0030	0.0286	0.1047	9.5548
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0059	0.0082	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0234	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0021	0.0061	0.3387	2.9526
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas	0.0017	0.0331	0.0499	20.0570
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0044	0.0021	2.0473	0.4885
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0070			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0115	0.0132	0.8750	1.1429
	Duennndarm	0.0337	0.0496	0.6797	1.4713
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0251	0.3396	2.9444
10	Gastrointestinal	0.0747	0.0879	0.8501	1.1763
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0194	0.2451	4.0800
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0351	0.0000	undef
	Lunge	0.0042	0.0143	0.2903	3.4446
	Magen-Speiserohre	0.0483	0.0077	6.3027	0.1587
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0163	0.0137	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0231	0.0166	1.3960	0.7163
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0089			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0083			
40	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
45	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
60	Gastrointestinal	0.0244			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1092	0.0460	2.3729	0.4214
	Brust	0.0627	0.0865	0.7249	1.3795
	Duenn darm	0.1012	0.1158	0.8739	1.1443
	Eierstock	0.0599	0.1509	0.3970	2.5190
	Endokrines Gewebe	0.0852	0.2984	0.2854	3.5039
10	Gastrointestinal	0.0900	0.0925	0.9733	1.0274
	Gehirn	0.1811	0.0637	2.8450	0.3515
	Haematopoetisch	0.0521	0.1136	0.4587	2.1798
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.0582	1.3889	0.7200
15	Herz	0.1092	0.0962	1.1344	0.8815
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0634	0.1104	0.5739	1.7425
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0460	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0463	0.0420	1.1014	0.9079
20	Niere	0.0706	0.1369	0.5155	1.9400
	Pankreas	0.0743	0.1049	0.7085	1.4114
	Penis	0.1467	0.0800	1.8345	0.5451
	Prostata	0.0567	0.0873	0.6491	1.5405
	Uterus_Endometrium	0.0811	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.1067	0.1155	0.9242	1.0820
	Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.1407			
	Prostata-Hyperplasie	0.0713			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0390			
	Zervix	0.0532			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.1113			
	Gastrointestinal	0.0694			
	Gehirn	0.0938			
40	Haematopoetisch	0.0590			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.1281			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0432			
	Placenta	0.0485			
	Prostata	0.0499			
50	Sinnesorgane	0.1381			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0116			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0753			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0500			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 96

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0013	0.0038	0.3403	2.9389
	Duendarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585	0.7361
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213	1.6096
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0136	0.0000	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0079
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0042

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0102	1.1441	0.8741
	Brust	0.0077	0.0075	1.0208	0.9796
	Duennndarm	0.0061	0.0331	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0030	0.0390	0.0768	13.0292
10	Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0044	0.0154	0.2880	3.4724
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0970	0.0980	10.1999
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0789	0.0532	1.4850	0.6734
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0077	3.7816	0.2644
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0027	0.0205	0.1322	7.5658
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0120	0.0267	0.4493	2.2259
	Prostata	0.0153	0.0021	7.1654	0.1396
25	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
30	Samenblase	0.0445			
	Sinnesorgane	0.1411			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			
	Zervix	0.1917			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
45	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
50	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0340			
	Eierstock_n	0.0000			
60	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0000			
65	Haematopoetisch	0.0057			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 98

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0130	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			
	Zervix	0.0000			

35	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
	Endokrines_Gewebe	0.0735
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
60	Haematopoetisch	0.0057
	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0083

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0026	1.5254	0.6555
	Brust	0.0090	0.0056	1.5879	0.6298
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600	2.7779
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0103	0.0060	1.7133	0.5837
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0059			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0424			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0204			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0134			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0179	1.7434	0.5736
	Brust	0.0205	0.0244	0.8376	1.1939
	Duenn darm	0.0675	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0442	0.1354	7.3832
	Endokrines Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
10	Gastrointestinal	0.0862	0.0463	1.8638	0.5365
	Gehirn	0.0067	0.0133	0.4984	2.0063
	Haematopoetisch	0.0120	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0477	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0388	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0212	0.0412	0.5140	1.9456
	Hoden	0.0230	0.0234	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0374	0.0450	0.8313	1.2029
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0600	0.2284	4.3775
20	Niere	0.0054	0.0274	0.1983	5.0439
	Pankreas	0.0066	0.0442	0.1496	6.6857
	Penis	0.0449	0.0267	1.6847	0.5936
	Prostata	0.0240	0.0234	1.0236	0.9769
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834	0.5940
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0384			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0534			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0303			
	Zervix	0.0319			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0304			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0064			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
	Hoden	0.0309			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0077	0.5085	1.9666
	Brust	0.0000	0.0188	0.0000	undef
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0120	0.0442	0.2709	3.6916
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef
10	Gastrointestinal	0.0134	0.0185	0.7248	1.3797
	Gehirn	0.0007	0.0072	0.1029	9.7228
	Haematopoetisch	0.0321	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0478	0.0450	1.0623	0.9414
	Magen-Speiserohre	0.0676	0.0690	0.9804	1.0200
	Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas	0.0116	0.0055	2.0940	0.4775
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0065	0.0128	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.1101			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0139			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0366			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0234	0.0588	0.3979	2.5129
	Brust	0.0179	0.0507	0.3529	2.8339
	Duenn darm	0.0245	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0180	0.0546	0.3289	3.0402
	Endokrines_Gewebe	0.0324	0.0251	1.2906	0.7749
10	Gastrointestinal	0.0364	0.0786	0.4629	2.1603
	Gehirn	0.0067	0.0216	0.3086	3.2409
	Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0323	0.1471	6.7999
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0270	0.0225	1.2008	0.8328
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0383	0.7563	1.3222
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711	1.7510
20	Niere	0.0326	0.0616	0.5287	1.8915
	Pankreas	0.0132	0.0607	0.2176	4.5964
	Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0458	0.0617	0.7412	1.3491
	Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0356			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
	Gehirn	0.0125			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0000			
	Lunge	0.0325			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.0249			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0253			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0169			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0231			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0100			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0077			
	Uterus_n	0.0083			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0351	0.0256	1.3729	0.7284
	Brust	0.0077	0.0094	0.8166	1.2245
	Duennndarm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0211	0.0463	0.4556	2.1950
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0125	0.0204	0.6096	1.6403
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0307	0.9454	1.0578
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0244	0.0068	3.5687	0.2802
	Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983	1.6714
	Penis	0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0109	0.0170	0.6398	1.5631
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0178			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0242			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0272			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0137			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 105

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0312	0.0230	1.3559	0.7375
	Brust	0.0435	0.0320	1.3611	0.7347
	Duendarm	0.0429	0.0165	2.5952	0.3853
	Eierstock	0.0210	0.0676	0.3100	3.2263
	Endokrines_Gewebe	0.0341	0.0752	0.4528	2.2083
10	Gastrointestinal	0.0230	0.0185	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0525	0.0554	0.9466	1.0564
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0330	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515	1.8133
15	Herz	0.0329	0.0962	0.3414	2.9288
	Hoden	0.0115	0.0117	0.9839	1.0163
	Lunge	0.0166	0.0327	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0307	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0343	0.0240	1.4278	0.7004
20	Niere	0.0624	0.0822	0.7600	1.3158
	Pankreas	0.0182	0.0055	3.2906	0.3039
	Penis	0.0419	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0174	0.0405	0.4310	2.3202
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.1055	0.1280	7.8106
25	Uterus_Myometrium	0.0381	0.0136	2.8057	0.3564
	Uterus_allgemein	0.0662	0.0954	0.6939	1.4412
	Brust-Hyperplasie	0.0608			
	Prostata-Hyperplasie	0.0476			
	Samenblase	0.0623			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0500			
	Gehirn	0.0876			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0434			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0556			
	Placenta	0.0364			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.1130			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0490			
	Foetal	0.0047			
	Gastrointestinal	0.0488			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0356			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0410			
	Nerven	0.0402			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0195	0.0639	0.3051	3.2777
	Brust	0.0333	0.0470	0.7077	1.4129
	Duennndarm	0.0399	0.1819	0.2191	4.5647
	Eierstock	0.0150	0.0702	0.2132	4.6905
	Endokrines Gewebe	0.0238	0.0903	0.2642	3.7857
10	Gastrointestinal	0.0900	0.1110	0.8111	1.2329
	Gehirn	0.0067	0.0267	0.2492	4.0126
	Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0587	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0143	0.0323	0.4412	2.2666
15	Herz	0.0011	0.0962	0.0110	90.7941
	Hoden	0.0000	0.0234	0.0000	undef
	Lunge	0.0062	0.0184	0.3387	2.9526
	Magen-Speiseroehre	0.0483	0.3527	0.1370	7.2985
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0360	0.0000	undef
20	Niere	0.0733	0.1575	0.4655	2.1483
	Pankreas	0.0694	0.0276	2.5128	0.3980
	Penis	0.0090	0.0533	0.1685	5.9357
	Prostata	0.0109	0.0255	0.4265	2.3446
	Uterus_Endometrium	0.0270	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0076	0.0272	0.2806	3.5642
	Uterus_allgemein	0.0000	0.4771	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0576			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.1068			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			
	Zervix	0.0319			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0111			
	Gehirn	0.0813			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0145			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0136			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.4149			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0573			
	Nerven	0.0040			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 107

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0204	0.3814	2.6222
	Brust	0.0102	0.0132	0.7777	1.2858
	Duenn darm	0.0153	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849	0.6309
10	Gastrointestinal	0.0307	0.0093	3.3134	0.3018
	Gehirn	0.0111	0.0144	0.7714	1.2964
	Haematopoetisch	0.0094	0.0379	0.2470	4.0483
	Haut	0.0441	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0170	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0229	0.0245	0.9314	1.0737
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020
20	Niere	0.0190	0.0205	0.9252	1.0808
	Pankreas	0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0065	0.0106	0.6142	1.6282
	Uterus Endometrium	0.0405	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0272	0.0000	undef
	Uterus allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0096			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0191			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0278			
	Gastrointestinal	0.0083			
	Gehirn	0.0188			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0107			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0185			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
50					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0068			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0041			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0097			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0131			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0051	0.0000	undef
	Brust	0.0051	0.0132	0.3889	2.5715
	Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0125	0.2717	3.6805
10	Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0037	0.0062	0.6000	1.6668
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676	2.7200
15	Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0093	0.0123	0.7621	1.3122
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0153	0.6303	1.5866
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0090	0.0267	0.3369	2.9678
	Prostata	0.0392	0.0213	1.8425	0.5427
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0238			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0104			
	Zervix	0.0106			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0072			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0105			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0285			
	Haut-Muskel	0.0324			
	Hoden	0.0077			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0410			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0167			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase 0.0078	0.0102	0.7627	1.3111
	Brust 0.0166	0.0282	0.5898	1.6955
	Duenn darm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535	6.5146
10	Endokrines Gewebe 0.0392	0.0527	0.7439	1.3442
	Gastrointestinal 0.0153	0.0370	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0059	0.0072	0.8228	1.2153
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000	undef
15	Herz 0.0064	0.0687	0.0925	10.8088
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0239	0.0470	0.5080	1.9684
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994	1.0006
	Niere 0.0299	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0182	0.0110	1.6453	0.6078
	Penis 0.0210	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0305	0.0106	2.8662	0.3489
25	Uterus_Endometrium 0.0203	0.1055	0.1920	5.2070
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0352			
	Prostata-Hyperplasie 0.0446			
	Samenblase 0.0267			
30	Sinnesorgane 0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147			
	Zervix 0.0106			
35	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointestinal 0.0222			
40	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0197			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
	Herz-Blutgefuesse 0.0178			
45	Lunge 0.0145			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0185			
	Placenta 0.0000			
	Prostata 0.0000			
50	Sinnesorgane 0.0126			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
55	Brust 0.0068			
	Eierstock_n 0.1595			
	Eierstock_t 0.0101			
	Endokrines Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0408			
60	Gastrointestinal 0.0366			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0259			
	Hoden 0.0000			
	Lunge 0.0410			
	Nerven 0.0151			
65	Prostata 0.0342			
	Sinnesorgane 0.0155			
	Uterus_n 0.0125			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0460	0.2542	3.9333
	Brust	0.0192	0.0376	0.5104	1.9593
	Duennndarm	0.0000	0.0496	0.0000	undef
	Eierstock	0.0030	0.0234	0.1279	7.8175
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0062	0.0102	0.6096	1.6403
	Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0271	0.0137	1.9826	0.5044
	Pankreas	0.0132	0.0221	0.5983	1.6714
	Penis	0.0030	0.0267	0.1123	8.9035
	Prostata	0.0240	0.0298	0.8043	1.2434
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0352			
	Prostata-Hyperplasie	0.0149			
	Samenblase	0.0089			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0106			
35					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0408			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0608			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0122			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0246			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 112

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0051	0.0207	0.2475	4.0410
	Duennndarm	0.0123	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0030	0.0338	0.0886	11.2920
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0038	0.0185	0.2071	4.8289
	Gehirn	0.0022	0.0092	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0037	0.0847	0.0433	23.0839
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0053	0.0275	0.1927	5.1882
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0042	0.0041	1.0161	0.9842
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0109	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983	1.6714
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0178			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0213			
35		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0251			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0354			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0122			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0375			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0409	0.2860	3.4963
	Brust	0.0256	0.0376	0.6805	1.4694
	Duenn darm	0.0399	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0090	0.0390	0.2303	4.3431
	Endokrines Gewebe	0.0477	0.0702	0.6792	1.4722
10	Gastrointestinal	0.0479	0.0231	2.0708	0.4829
	Gehirn	0.0229	0.0349	0.6564	1.5234
	Haematopoetisch	0.0281	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0624	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0048	0.0259	0.1838	5.4400
15	Herz	0.0519	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0230	0.0468	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0270	0.0491	0.5504	1.8170
	Magen-Speiserohre	0.0387	0.0230	1.6807	0.5950
	Muskel-Skelett	0.0377	0.0840	0.4487	2.2286
20	Niere	0.0462	0.0411	1.1235	0.8901
	Pankreas	0.0116	0.0276	0.4188	2.3877
	Penis	0.0150	0.0533	0.2808	3.5614
	Prostata	0.0283	0.0490	0.5786	1.7284
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0528	1.0243	0.9763
25	Uterus_Myometrium	0.0305	0.0272	1.1223	0.8911
	Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0192			
	Prostata-Hyperplasie	0.0386			
	Samenblase	0.0267			
30	Sinnesorgane	0.0353			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0312			
	Zervix	0.0213			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0611			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0157			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefasse	0.0320			
	Lunge	0.0397			
45	Nebenniere	0.0507			
	Niere	0.0247			
	Placenta	0.0303			
	Prostata	0.1247			
	Sinnesorgane	0.0377			
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0029			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0164			
	Nerven	0.0050			
	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
65	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 115

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0039	0.0051	0.7627	1.3111
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duendarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0702	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0192	0.0185	1.0354	0.9658
	Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiserohre	0.0193	0.0230	0.8404	1.1900
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496	6.6857
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0118			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0028
	Gehirn	0.0000
40	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefuesse	0.0000
	Lunge	0.0000
45	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
50	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0101
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0047
	Gastrointestinal	0.0122
60	Haematopoetisch	0.0114
	Haut-Muskel	0.0065
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0010
65	Prostata	0.0068
	Sinnesorgane	0.0000
	Uterus_n	0.0167

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796
	Duenn darm	0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock	0.0030	0.0208	0.1439	6.9489
	Endokrines_Gewebe	0.0102	0.0025	4.0755	0.2454
10	Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425	0.8048
	Gehirn	0.0030	0.0031	0.9599	1.0417
	Haematopoetisch	0.0094	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0073	0.0123	0.5927	1.6872
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0081	0.0068	1.1896	0.8406
	Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0064			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
55	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0032			
	Hoden	0.0154			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0060			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0208			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 117

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0078	0.0128	0.6102	1.6389
	Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Duennndarm	0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0208	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000
10	Gastrointestinal	0.0517	0.0879	0.5886	1.6991
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0381	0.0518	0.7353	1.3600
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0010	0.0164	0.0635	15.7470
	Magen-Speiserohre	0.0290	0.0230	1.2605	0.7933
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991	3.3428
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
	Lunge	0.0000			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0000	0.0026	0.0000	undef
	Brust	0.0013	0.0056	0.2268	4.4083
	Duenn darm	0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0010	0.0061	0.1693	5.9051
	Magen-Speiserohre	0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0022	0.0021	1.0236	0.9769
	Uterus Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Uterus allgemein	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0030			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse Blutkoerperchen	0.0043			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Gehirn	0.0000			
40	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0260			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
	Lunge	0.0036			
45	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0062			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0249			
50	Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
	%Haeufigkeit				
	Brust	0.0000			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0114			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0082			
	Nerven	0.0000			
65	Prostata	0.0068			
	Sinnesorgane	0.0155			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.0117	0.0153	0.7627	1.3111
	Brust	0.0026	0.0132	0.1944	5.1431
	Duenn darm	0.0031	0.0165	0.1854	5.3946
	Eierstock	0.0000	0.0156	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142	2.4145
	Gehirn	0.0030	0.0062	0.4800	2.0835
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.1760	0.0518	3.4008	0.2941
15	Herz	0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge	0.0010	0.0082	0.1270	7.8735
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0188	0.0060	3.1411	0.3184
20	Niere	0.0081	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0174	0.0277	0.6299	1.5875
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0954	0.0000	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0032			
	Prostata-Hyperplasie	0.0119			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0235			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			
	Zervix	0.0000			
35	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
40	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0071			
45	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
50	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
55	Brust	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0000			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	Blase	0.1053	0.1125	0.9361	1.0683
	Brust	0.1164	0.1015	1.1468	0.8720
	Duenn darm	0.0491	0.0662	0.7415	1.3487
	Eierstock	0.0479	0.1015	0.4723	2.1173
	Endokrines Gewebe	0.0562	0.0251	2.2415	0.4461
10	Gastrointestinal	0.1015	0.1758	0.5777	1.7311
	Gehirn	0.0296	0.1273	0.2322	4.3058
	Haematopoetisch	0.0535	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.2166	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0809	0.1035	0.7813	1.2800
15	Herz	0.4133	0.2612	1.5825	0.6319
	Hoden	0.0748	0.0468	1.5989	0.6254
	Lunge	0.1506	0.1227	1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.2126	0.1073	1.9808	0.5048
	Muskel-Skelett	0.0805	0.1680	0.4793	2.0863
20	Niere	0.0543	0.0890	0.6100	1.6393
	Pankreas	0.0562	0.1712	0.3281	3.0479
	Penis	0.1497	0.2399	0.6240	1.6026
	Prostata	0.0850	0.0362	2.3483	0.4258
	Uterus_Endometrium	0.0541	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_Myometrium	0.0457	0.1019	0.4489	2.2276
	Uterus_allgemein	0.0560	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0991			
	Prostata-Hyperplasie	0.0832			
	Samenblase	0.0801			
30	Sinnesorgane	0.1059			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0720			
	Zervix	0.0639			
35	FOETUS				
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0835			
	Gastrointestinal	0.0361			
	Gehirn	0.0063			
40	Haematopoetisch	0.0433			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0961			
	Lunge	0.0867			
45	Nebenniere	0.0761			
	Niere	0.0309			
	Placenta	0.1151			
	Prostata	0.5984			
50	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
		%Haeufigkeit			
	Brust	0.0544			
55	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0101			
	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0466			
	Gastrointestinal	0.0610			
60	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0421			
	Hoden	0.0000			
	Lunge	0.1474			
	Nerven	0.0110			
65	Prostata	0.0205			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Uterus_n	0.0042			

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T. T/N
5	Blase 0.0039	0.0026	1.5254 0.6555
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenn darm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0182	0.0000 undef
10	Endokrines Gewebe 0.0017	0.0075	0.2264 4.4166
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
	Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0061	0.1693 5.9051
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas 0.0066	0.0055	1.1966 0.8357
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0021	2.0473 0.4885
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		
35	FOETUS		
	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointestinal 0.0028		
40	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefuesse 0.0000		
45	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0254		
	Niere 0.0062		
	Placenta 0.0182		
	Prostata 0.0000		
50	Sinnesorgane 0.0000		
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
55	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0134		
60	Gastrointestinal 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
	Haut-Muskel 0.0130		
	Hoden 0.0000		
	Lunge 0.0164		
	Nerven 0.0030		
65	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0125		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 258

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0047	0.0000	undef
	Brust	0.0018	0.0014	1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Duenn darm	0.0027	0.0213	0.1288	7.7625
10	Eierstock	0.0000	0.0167	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn	0.0012	0.0010	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0029	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0037	0.0000	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0040			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0036
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0035
	Gastrointestinal	0.0122
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0194
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0098
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0030
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0000
	Prostata_n	0.0121
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 260

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Blase	0.0000	0.0023	0.0000	undef
	Brust	0.0062	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0019	0.0085	0.2243	4.4591
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock	0.0000	0.0525	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0032	0.0071	0.4527	2.2091
	Gehirn	0.0023	0.0020	1.1605	0.8617
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0063	0.0000	undef
15	Herz	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0088	0.0037	2.3680	0.4223
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas	0.0083	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0028	0.0013	2.1706	0.4607
	T_Lymphom	0.0051	0.0224	0.2254	4.4364
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0027	0.0304	0.0902	11.0896
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
30	Sinnesorgane	0.0000			

		FOETUS
		%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0139
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107
	Lunge	0.0036
	Nebenniere	0.0000
	Niere	0.0062
	Placenta	0.0000
45	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0251

		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
		%Haeufigkeit
50	Brust	0.0000
	Brust_t	0.0000
	Dickdarm_t	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0098
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0065
60	Hoden_n	0.0000
	Hoden_t	0.0000
	Lunge_n	0.0000
	Lunge_t	0.0000
	Nerven	0.0060
65	Niere_t	0.0000
	Ovar_Uterus	0.0113
	Prostata_n	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 261

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0009	0.0014	0.6262	1.5969
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenn darm	0.0027	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0191	0.0000	undef
	Endokrines Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0006	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0010	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0015	0.0000	undef	0.0000
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0013			
	Penis	0.0000			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0000			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 262

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0023	6.6380	0.1506
	Brust	0.0158	0.0056	2.8179	0.3549
	Dickdarm	0.0038	0.0028	1.3456	0.7432
	Duenndarm	0.0110	0.0320	0.3435	2.9109
10	Eierstock	0.0178	0.0334	0.5333	1.8752
	Endokrines_Gewebe	0.0064	0.0213	0.3018	3.3136
	Gehirn	0.0081	0.0060	1.3539	0.7386
	Haut	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0139	0.0190	0.7324	1.3653
15	Herz	0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0080	0.0118	0.6786	1.4737
	Lunge	0.0175	0.0129	1.3531	0.7390
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0064	0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0111	0.1546	6.4671
20	Niere	0.0045	0.0096	0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0132	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0104	0.0091	1.1370	0.8795
	T_Lymphom	0.0101	0.0149	0.6762	1.4788
	Uterus	0.0192	0.0230	0.8353	1.1971
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0055	0.0304	0.1803	5.5448
	Haematopoetisch	0.0067			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0070			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
35	Gastrointestinal	0.0056			
	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0275			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142			
	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
45	Prostata	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0251			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0203			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0162			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0454			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0100			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0293			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 263

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125		0.0136		0.9198	1.0872
	Blase	0.0039		0.0188		0.2075	4.8204
	Brust	0.0114		0.0281		0.4070	2.4568
	Dickdarm	0.0211		0.0142		1.4801	0.6756
	Duenn darm	0.0082		0.0000		undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089		0.0286		0.3111	3.2147
	Endokrines_Gewebe	0.0161		0.0151		1.0599	0.9435
	Gehirn	0.0211		0.0110		1.9234	0.5199
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
15	Hepatisch	0.0046		0.0127		0.3662	2.7307
	Herz	0.0162		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0080		0.0178		0.4523	2.2108
	Lunge	0.0136		0.0111		1.2278	0.8145
	Magen-Speiserohre	0.0072		0.0128		0.5666	1.7648
20	Muskel-Skelett	0.0188		0.0185		1.0206	0.9799
	Niere	0.0157		0.0145		1.0831	0.9232
	Pankreas	0.0083		0.0221		0.3739	2.6743
	Prostata	0.0123		0.0039		3.1352	0.3190
	T_Lymphom	0.0000		0.0149		0.0000	undef
25	Uterus	0.0077		0.0230		0.3368	2.9694
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0094					
	Penis	0.0107					
	Samenblase	0.0070					
30	Sinnesorgane	0.0235					
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0260					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0107					
	Lunge	0.0072					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0000					
45	Prostata	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.1595					
55	Eierstock_t	0.0203					
	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0069					
	Gastrointestinal	0.0488					
	Haematopoetisch	0.0000					
60	Haut-Muskel	0.0032					
	Hoden_n	0.0167					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0195					
	Lunge_t	0.0000					
65	Nerven	0.0060					
	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0158					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 264

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0150		0.0136		1.1037	0.9060
	Blase	0.0273		0.0211		1.2907	0.7748
	Brust	0.0229		0.0632		0.3618	2.7639
	Dickdarm	0.0268		0.0256		1.0466	0.9555
	Duenn darm	0.0192		0.0000		undef	0.0000
10	Eierstock	0.0089		0.0501		0.1778	5.6255
	Endokrines Gewebe	0.0193		0.0142		1.3580	0.7364
	Gehirn	0.0041		0.0160		0.2539	3.9391
	Haut	0.0073		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0465		0.0254		1.8311	0.5461
15	Herz	0.0091		0.0412		0.2215	4.5144
	Hoden	0.0120		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0204		0.0185		1.1050	0.9049
	Magen-Speiserohre	0.0290		0.0384		0.7557	1.3233
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0185		0.3711	2.6946
20	Niere	0.0537		0.0289		1.8570	0.5385
	Pankreas	0.0380		0.0110		3.4403	0.2907
	Prostata	0.0330		0.0130		2.5323	0.3949
	T_Lymphom	0.0051		0.0075		0.6762	1.4788
	Uterus	0.0148		0.0138		1.0709	0.9338
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0075		0.0000		undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147					
	Penis	0.0054					
	Samenblase	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0235					
30							
	FOETUS						
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0000					
	Gastrointestinal	0.0083					
35	Gehirn	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0000					
40	Lunge	0.0000					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0062					
	Placenta	0.0121					
	Prostata	0.0249					
45	Sinnesorgane	0.0000					
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0204					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0101					
55	Endokrines Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0017					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0000					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0040					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0090					
	Prostata_n	0.0121					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 265

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T T/N
5	B_Lymphom	0.0000	0.0272	0.0000 undef
	Blase	0.0117	0.0023	4.9785 0.2009
	Brust	0.0141	0.0155	0.9109 1.0979
	Dickdarm	0.0920	0.0968	0.9498 1.0528
10	Duenndarm	0.0247	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0208	0.0882	0.2354 4.2478
	Endokrines_Gewebe	0.0016	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch	0.0000	0.0444	0.0000 undef
	Herz	0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge	0.0165	0.0111	1.4909 0.6707
	Magen-Speiserohre	0.0362	0.0128	2.8338 0.3529
20	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef
	Prostata	0.0207	0.0352	0.5895 1.6963
	T_Lymphom	0.0025	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus	0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch	0.0027		
	Penis	0.0000		
	Samenblase	0.0915		
30	Sinnesorgane	0.0118		
		FOETUS		
		%Haeufigkeit		
	Entwicklung	0.0000		
35	Gastrointestinal	0.0278		
	Gehirn	0.0000		
	Haematopoetisch	0.0000		
	Haut	0.0000		
	Hepatisch	0.0000		
40	Herz-Blutgefuesse	0.0000		
	Lunge	0.0108		
	Nebenniere	0.0000		
	Niere	0.0000		
	Placenta	0.0000		
45	Prostata	0.0000		
	Sinnesorgane	0.0000		
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
		%Haeufigkeit		
50	Brust	0.0000		
	Brust_t	0.0000		
	Dickdarm_t	0.0000		
	Eierstock_n	0.0000		
	Eierstock_t	0.0253		
55	Endokrines_Gewebe	0.0000		
	Foetal	0.0023		
	Gastrointestinal	0.0244		
	Haematopoetisch	0.0000		
60	Haut-Muskel	0.0000		
	Hoden_n	0.0084		
	Hoden_t	0.0000		
	Lunge_n	0.0293		
	Lunge_t	0.0000		
	Nerven	0.0000		
65	Niere_t	0.0000		
	Ovar_Uterus	0.0113		
	Prostata_n	0.0182		
	Sinnesorgane	0.0000		
	Weisse Blutkoerperchen	0.0000		

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 266

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust	0.0114	0.0000	undef	0.0000
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0059	0.0525	0.1131	8.8401
	Endokrines_Gewebe	0.0161	0.0035	4.5268	0.2209
	Gehirn	0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0071	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0049	0.0037	1.3155	0.7601
	Magen-Speiserohre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0470	0.0048	9.7491	0.1026
	Pankreas	0.0033	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0019	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0044	0.0046	0.9638	1.0375
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0080			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0039			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0020			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 267

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0000	0.0070	0.0000	undef
	Brust	0.0026	0.0014	1.8786	0.5323
	Dickdarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duennndarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0000	0.0119	0.0000	undef
	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0029	0.0010	2.9013	0.3447
	Haut	0.0000	0.0394	0.0000	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Lunge	0.0049	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0028	0.0000	undef	0.0000
	T_Lymphom	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0000			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0000			
40	Lunge	0.0000			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0000			
	Placenta	0.0000			
	Prostata	0.0499			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0035			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0000			
60	Hoden_n	0.0042			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 268

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0117	0.0094	1.2446	0.8035
	Brust	0.0088	0.0253	0.3479	2.8744
	Dickdarm	0.0192	0.0028	6.7278	0.1486
	Duenn darm	0.0192	0.0213	0.9018	1.1089
10	Eierstock	0.0030	0.0143	0.2074	4.8219
	Endokrines Gewebe	0.0193	0.0035	5.4321	0.1841
	Gehirn	0.0081	0.0249	0.3249	3.0774
	Haut	0.0184	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093	0.0063	1.4649	0.6826
15	Herz	0.0112	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0040	0.0118	0.3393	2.9475
	Lunge	0.0126	0.0037	3.4204	0.2924
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0037	3.2472	0.3080
20	Niere	0.0157	0.0048	3.2497	0.3077
	Pankreas	0.0050	0.0110	0.4487	2.2285
	Prostata	0.0104	0.0052	1.9897	0.5026
	T_Lymphom	0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Uterus	0.0163	0.0092	1.7670	0.5659
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0110	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0139			
	Gastrointestinal	0.0056			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0036			
40	Lunge	0.0036			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0121			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0000			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0051			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0257			
	Haut-Muskel	0.0032			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0000			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0010			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0023			
	Prostata_n	0.0243			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 269

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase 0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust 0.0079	0.0014	5.6359	0.1774
	Dickdarm 0.0096	0.0057	1.6820	0.5945
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Eierstock 0.0030	0.0191	0.1555	6.4291
	Endokrines_Gewebe 0.0064	0.0018	3.6214	0.2761
	Gehirn 0.0058	0.0060	0.9671	1.0340
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz 0.0091	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0080	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0068	0.0037	1.8417	0.5430
	Magen-Speiserohre 0.0000	0.0064	0.0000	undef
20	Muskel-Skelett 0.0034	0.0111	0.3093	3.2335
	Niere 0.0045	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0083	0.0110	0.7479	1.3371
	Prostata 0.0057	0.0117	0.4823	2.0732
	T_Lymphom 0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Uterus 0.0044	0.0092	0.4819	2.0750
25	Weisse_Blutkoerperchen 0.0034	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0027			
	Penis 0.0188			
	Samenblase 0.0141			
30	Sinnesorgane 0.0118			
	FOETUS			
	%Haeufigkeit			
	Entwicklung 0.0000			
35	Gastrointestinal 0.0028			
	Gehirn 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0039			
	Haut 0.0000			
	Hepatisch 0.0000			
40	Herz-Blutgefuesse 0.0107			
	Lunge 0.0036			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0061			
45	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
50	Brust 0.0000			
	Brust_t 0.0000			
	Dickdarm_t 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0152			
55	Endokrines_Gewebe 0.0000			
	Foetal 0.0006			
	Gastrointestinal 0.0000			
	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0032			
60	Hoden_n 0.0000			
	Hoden_t 0.0000			
	Lunge_n 0.0000			
	Lunge_t 0.0000			
	Nerven 0.0020			
65	Niere_t 0.0000			
	Ovar_Uterus 0.0068			
	Prostata_n 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0077			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 270

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0075	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0156	0.0047	3.3190	0.3013
	Brust	0.0167	0.0197	0.8499	1.1767
	Dickdarm	0.0307	0.0199	1.5378	0.6503
	Duenn darm	0.0082	0.0213	0.3865	2.5875
10	Eierstock	0.0059	0.0334	0.1778	5.6255
	Endokrines Gewebe	0.0321	0.0248	1.2934	0.7732
	Gehirn	0.0365	0.0170	2.1504	0.4650
	Haut	0.0257	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000	0.0127	0.0000	undef
15	Herz	0.0426	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0161	0.0118	1.3571	0.7369
	Lunge	0.0272	0.0222	1.2278	0.8144
	Magen-Speiserohre	0.0072	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett	0.0137	0.0074	1.8555	0.5389
20	Niere	0.0246	0.0145	1.7022	0.5875
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef	0.0000
	Prostata	0.0179	0.0065	2.7494	0.3637
	T_Lymphom	0.0177	0.0672	0.2630	3.8026
	Uterus	0.0118	0.0046	2.5703	0.3891
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0219	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0147			
	Penis	0.0188			
	Samenblase	0.0281			
	Sinnesorgane	0.0000			
30					
	FOETUS				
	%Haeufigkeit				
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0167			
35	Gehirn	0.0188			
	Haematopoetisch	0.0079			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0356			
40	Lunge	0.0108			
	Nebenniere	0.0254			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0182			
	Prostata	0.0249			
45	Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit				
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.1595			
	Eierstock_t	0.0000			
55	Endokrines_Gewebe	0.0000			
	Foetal	0.0110			
	Gastrointestinal	0.0122			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0227			
60	Hoden_n	0.0125			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0195			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0281			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0068			
	Prostata_n	0.0061			
	Sinnesorgane	0.0232			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 271

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0125		0.0407		0.3066	3.2617
	Blase	0.0117		0.0164		0.7112	1.4061
	Brust	0.0123		0.0098		1.2524	0.7985
	Dickdarm	0.0057		0.0057		1.0092	0.9909
	Duenn darm	0.0165		0.0000		undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030		0.0143		0.2074	4.8219
	Endokrines_Gewebe	0.0096		0.0195		0.4938	2.0250
	Gehirn	0.0122		0.0070		1.7408	0.5745
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0093		0.0000		undef	0.0000
15	Herz	0.0071		0.0137		0.5169	1.9347
	Hoden	0.0201		0.0059		3.3928	0.2947
	Lunge	0.0117		0.0148		0.7893	1.2669
	Magen-Speiserohre	0.0072		0.0320		0.2267	4.4110
20	Muskel-Skelett	0.0086		0.0000		undef	0.0000
	Niere	0.0045		0.0096		0.4642	2.1540
	Pankreas	0.0017		0.0055		0.2992	3.3427
	Prostata	0.0066		0.0117		0.5627	1.7770
	T_Lymphom	0.0126		0.0149		0.8453	1.1830
25	Uterus	0.0059		0.0322		0.1836	5.4469
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0062		0.0304		0.2029	4.9287
	Haematopoetisch	0.0107					
	Penis	0.0000					
	Samenblase	0.0141					
30	Sinnesorgane	0.0235					
		FOETUS					
		%Haeufigkeit					
	Entwicklung	0.0000					
35	Gastrointestinal	0.0111					
	Gehirn	0.0250					
	Haematopoetisch	0.0118					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
	Herz-Blutgefuesse	0.0071					
40	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0000					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0061					
	Prostata	0.0000					
45	Sinnesorgane	0.0000					
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					
		%Haeufigkeit					
50	Brust	0.0000					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0152					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0220					
	Gastrointestinal	0.0000					
	Haematopoetisch	0.0000					
	Haut-Muskel	0.0421					
60	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0000					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0211					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0248					
	Prostata_n	0.0000					
	Sinnesorgane	0.0232					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 272

		NORMAL		TUMOR		Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit		%Haeufigkeit		N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025		0.0136		0.1840	5.4361
	Blase	0.0039		0.0117		0.3319	3.0130
	Brust	0.0246		0.0070		3.5068	0.2852
	Dickdarm	0.0287		0.0399		0.7208	1.3873
	Duenn darm	0.0082		0.0426		0.1932	5.1750
10	Eierstock	0.0148		0.0381		0.3889	2.5717
	Endokrines_Gewebe	0.0161		0.0266		0.6036	1.6568
	Gehirn	0.0220		0.0130		1.6961	0.5896
	Haut	0.0110		0.0000		undef	0.0000
	Hepatisch	0.0000		0.0381		0.0000	undef
15	Herz	0.0132		0.0000		undef	0.0000
	Hoden	0.0040		0.0000		undef	0.0000
	Lunge	0.0214		0.0129		1.6538	0.6047
	Magen-Speiserohre	0.0000		0.0064		0.0000	undef
	Muskel-Skelett	0.0069		0.0000		undef	0.0000
20	Niere	0.0134		0.0193		0.6964	1.4360
	Pankreas	0.0264		0.0276		0.9573	1.0446
	Prostata	0.0075		0.0104		0.7235	1.3821
	T_Lymphom	0.0227		0.0373		0.6086	1.6431
	Uterus	0.0059		0.0138		0.4284	2.3344
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0082		0.0607		0.1353	7.3931
	Haematopoetisch	0.0053					
	Penis	0.0161					
	Samenblase	0.0141					
30	Sinnesorgane	0.0000					
FOETUS							
	%Haeufigkeit						
	Entwicklung	0.0278					
35	Gastrointestinal	0.0056					
	Gehirn	0.0375					
	Haematopoetisch	0.0039					
	Haut	0.0000					
	Hepatisch	0.0000					
40	Herz-Blutgefuesse	0.0142					
	Lunge	0.0036					
	Nebenniere	0.0254					
	Niere	0.0124					
	Placenta	0.0061					
45	Prostata	0.0499					
	Sinnesorgane	0.0000					
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN							
	%Haeufigkeit						
50	Brust	0.0136					
	Brust_t	0.0000					
	Dickdarm_t	0.0000					
	Eierstock_n	0.0000					
	Eierstock_t	0.0000					
55	Endokrines_Gewebe	0.0000					
	Foetal	0.0052					
	Gastrointestinal	0.0244					
	Haematopoetisch	0.0000					
60	Haut-Muskel	0.0000					
	Hoden_n	0.0000					
	Hoden_t	0.0000					
	Lunge_n	0.0195					
	Lunge_t	0.0000					
	Nerven	0.0121					
65	Niere_t	0.0000					
	Ovar_Uterus	0.0000					
	Prostata_n	0.0061					
	Sinnesorgane	0.0000					
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000					

Elektronischer Northern fuer Seq-ID: 273

		NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse	
		%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N
5	B_Lymphom	0.0025	0.0000	undef	0.0000
	Blase	0.0078	0.0188	0.4149	2.4104
	Brust	0.0079	0.0112	0.7045	1.4195
	Dickdarm	0.0019	0.0057	0.3364	2.9727
	Duendarm	0.0055	0.0000	undef	0.0000
10	Eierstock	0.0030	0.0215	0.1383	7.2328
	Endokrines_Gewebe	0.0080	0.0053	1.5089	0.6627
	Gehirn	0.0041	0.0070	0.5803	1.7234
	Haut	0.0147	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch	0.0046	0.0000	undef	0.0000
15	Herz	0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Hoden	0.0000	0.0355	0.0000	undef
	Lunge	0.0039	0.0111	0.3508	2.8506
	Magen-Speiseroehre	0.0145	0.0128	1.1335	0.8822
	Muskel-Skelett	0.0120	0.0074	1.6236	0.6159
20	Niere	0.0000	0.0048	0.0000	undef
	Pankreas	0.0000	0.0276	0.0000	undef
	Prostata	0.0085	0.0065	1.3023	0.7679
	T_Lymphom	0.0303	0.0149	2.0287	0.4929
	Uterus	0.0133	0.0092	1.4458	0.6917
25	Weisse_Blutkoerperchen	0.0205	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch	0.0027			
	Penis	0.0054			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0118			
30					
		FOETUS			
		%Haeufigkeit			
	Entwicklung	0.0000			
	Gastrointestinal	0.0028			
35	Gehirn	0.0063			
	Haematopoetisch	0.0118			
	Haut	0.0000			
	Hepatisch	0.0000			
	Herz-Blutgefuesse	0.0213			
40	Lunge	0.0145			
	Nebenniere	0.0000			
	Niere	0.0124			
	Placenta	0.0061			
	Prostata	0.0000			
45	Sinnesorgane	0.0000			
		NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
		%Haeufigkeit			
50	Brust	0.0068			
	Brust_t	0.0000			
	Dickdarm_t	0.0000			
	Eierstock_n	0.0000			
	Eierstock_t	0.0152			
55	Endokrines_Gewebe	0.0245			
	Foetal	0.0023			
	Gastrointestinal	0.0000			
	Haematopoetisch	0.0000			
	Haut-Muskel	0.0065			
60	Hoden_n	0.0000			
	Hoden_t	0.0000			
	Lunge_n	0.0098			
	Lunge_t	0.0000			
	Nerven	0.0060			
65	Niere_t	0.0000			
	Ovar_Uterus	0.0090			
	Prostata_n	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			

2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

Beispiel 3

Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST
2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen

Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S . Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen C_i (i : Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if H_0 Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while $C_i > C_{i-1}$; Abbruchkriterium II).

Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplette Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe gefunden werden.

Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits
5 oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Beispiel 4

10

Kartierung der Nukleinsäure-Sequenzen auf dem humanen Genom

Die Kartierung der humanen Gene erfolgte unter Verwendung des Stanford G3 Hybrid-Panels (Stewart et al., 1997), der von Research Genetics, Huntsville,
15 Alabama vertrieben wird. Dieses Panel besteht aus 83 verschiedenen genomischen DNAs von Mensch-Hamster Hybridzelllinien und erlaubt eine Auflösung von 500 Kilobasen. Die Hybridzelllinien wurden durch Fusion von bestrahlten diploiden menschlichen Zellen mit Zellen des Chinesischen Hamsters gewonnen. Das Rückhaltemuster der humanen Chromosomenfragmente wird mittels genspezifischer
20 Primer in einer Polymerase-Kettenreaktion bestimmt und mit Hilfe der vom Stanford RH Server verfügbaren Software analysiert (http://www.stanford.edu/RH/rhserver_form2.html). Dieses Programm bestimmt den STS-Marker, der am nächsten zum gesuchten Gen liegt. Die entsprechende zytogenetische Bande wurde unter Verwendung des "MapView"-Programms der Genome Database (GDB),
25 (<http://gdbwww.dkfz-heidelberg.de>) bestimmt.

Neben dem kartieren von Genen auf dem menschlichen Chromosomensatz durch verschiedene experimentelle Methoden ist es möglich die Lage von Genen auf diesem durch bioinformatische Methoden zu bestimmen. Dazu wurde das bekannte Programm e-PCR eingesetzt (Schuler GD (1998) Electronic PCR: bridging the gap
30 between genome mapping and genome sequencing. Trends Biotechnol 16; 456-459, Schuler GD (1997). Sequence mapping by electronic PCR. Genome Res 7; 541-550). Die dabei eingesetzte Datenbank entspricht nicht mehr der in der Literatur angegebenen, sondern ist eine Weiterentwicklung, welche Daten der öffentlichen Datenbank RHdb (<http://www.ebi.ac.uk/RHdb/index.html>) einschließt. Analog zu der
35 Kartierung durch die Hybrid-Panels erfolgte eine Auswertung der Ergebnisse mit der obengenannten Software und der Software des Whitehead-Institutes (<http://carbon.wi.mit.edu:8000/cgi-bin/contig/rhmapper.pl>).

Beispiel 5**Gewinnung von genomischen DNA-Sequenzen (BAC-Klone)**

- 5 Die die entsprechenden cDNA enthaltenen genomischen BAC-Klone
 (<http://www.tree.caltech.edu/>; Shizuya, H., B. Birren, U.-J. Kim, V. Mancino, T. Slepak,
 Y. Tachiiri, M. Simon (1992) Proc. Natl. Acad. Sci., USA 89: 8794-8797) wurden mit
 der Prozedur des "down-to-the-well" isoliert. Bei dieser Prozedur wird eine Bibliothek
 bestehend aus BAC-Klonen (die Bibliothek überdeckt ca. 3 x das humane Genom)
 10 in ein bestimmtes Raster gebracht, so daß die DNA dieser Klone mit einer
 spezifischen PCR untersucht werden kann. Dabei erfolgt ein "Poolen" der DNA
 verschiedener BAC-Klone. Durch eine kombinatorische Analyse ist es möglich die
 Klone zu bestimmen, die die gesuchte DNA enthalten. Durch das Festlegen der
 Klone kann die Adresse der Klone in der Bibliothek bestimmt werden. Diese Adresse
 15 zusammen mit dem Namen der verwendeten Bibliothek legen die Klone und damit
 die DNA-Sequenz dieser Klone eindeutig fest.
 Die nachfolgenden Beispiele erläutern die erfolgreiche Isolierung der genomischen
 BAC-Klone ohne, diese darauf zu beschränken.
 Die verwendete Bibliotheken waren CITB B und CITB C:

20

Seq. ID Nr.	Identifizierte BACs				
4	195/N/3	206/P/3	384/I/3	323/G/9	
5	222/B/10	404/E/10	526/F/20	565/P/11	279/F/14
9	501/L/21				
11	490/P/4	321/I/23	410/F/5	443/N/20	
19	311/A/19	505/F/17	216/D/8	219/C/22	
29	382/N/10	539/L/7			
31	530/D/11				
35	503/N/10				
37	547/D/16	215/P/16	439/K/6		
39	216/L/9	512/F/5	203/J/15		
45	205/K/7	250/H/22	283/C/17	528/B/20	402/L/11
80	371/A/20	470/L/3	495/L/3		
92	254/M/9	376/O/12	421/L/18	429/J/19	
112	243/O/14	520/K/15	565/J/17	565/J/24	

TABELLE I

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
1	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1p31.1-p34.1	SHGC-2542, 2540, 2456; D1S448-D1S500;; WI-6555; D1S198-D1S462
2	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		2p22.3-p23.3	SGC32173; D2S174-D2S390;; TIGR-A006H24; D2S392-D2S390
3	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4p15.1	WI-15951 (D4S1043-SHGC-16179)
4	in Ovariumorgewebe überexprimiert	P52rlPK		11q13.5 - q14.1	SHGC-31396 (SHGC-32287, D11S4681)
5	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		1q22	SHGC-31641
6	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		13q33.1 - q34	AFM310yd5
7	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		8q11.23-q12.1	SHGC-32002; D8S1828-D8S507
8	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q24	SHGC-36699
9	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PRO_RICH	2q35	SHGH-32531 (D2S1297, SHGC-35278)
10	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	PHD		
12	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		5q23.3-q31.1	AFM200ya9=D5S414
13	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3p23	WI-6841; D3S1599-D3S1583
15	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		6q22.1-q24.3	SHGC-33316; D6S453-D6S311
16	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	10p15.3	CDa1hh03; D10S533-D10S594;; SHGC-11812; D10S558-D10S591
18	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	Ribosomal_L24e	15q21.3-q22.1	Cda17g12; D15S209-D15S198
19	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q14.3	SHGC-36010 (D11S1979, D11S1887)

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
20	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q22.2-3q22.3	SHGC-34629 (SHGC-30855, SGC32794)
21	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		3q26.33-q29	AFM308yf1 (D3S2363, D3S3669)
22	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7q11.23	SHGC-37054
23	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt			
24	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		4q28.1-q31.1	WI-30941;SGC30941; D4S1580=D4S427
25	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Branchio-oto-renal syndrome candidate gene		7q32.3-q33	AFMc024we9
26	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt	NLS_BP	17q23.3	SHGC-64257
27	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		17p12-p13.2	SHGC-31370 (SHGC-35547-SHGC-35513)
28	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		10q22.3	Cda0wf11, TIGR-A001X23;D10S607-D10S201
29	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		11q13.2-q13.5	WI-14303; D11S4136-D11S1314;; TIGR-A005U01; D11S913-D11S1314/RH;SHGC-14407
30	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		7p21.3	SHGC-14339
31	in Ovariumorgewebe überexprimiert	unbekannt		12p12.3	AFMb320va9
32	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partielles Homolog zu R. norvegicus calpain		1q41	SHGC-3992 (D1S2550-D1S2568)
33	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Human mRNA for fungal sterol-C5-desaturase homolog	Thymosin	11q23.3	WI-19895; D11S924-D11S925
34	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell homolog zu Human GPx-3 mRNA for plasma glutathione peroxidase	GSHPx	5q33.1	SHGC-10972
35	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Partiell Homolog zu Homo sapiens CHD2 mRNA		19q13.13-q13.2	AFMb018wh1

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
36	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus formin binding protein 21	WW_rsp5_WWP		
38	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Tribolium castaneum zinc finger protein		2p13.1-p16.1;RH: 2p13.1-p13.3	siSG31094; D2S292-D2S145
39	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu S. cerevisiae chromosome II sequence for ORF YBR1725		19q12	AFM205yf10 (D19S1080, D19S590)
40	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Rattus norvegicus rslp1p	Sec1	17	
41	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu PEC-60=gastrointestinal peptide, swine	kazal		
42	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mus musculus mCAF1 protein		8p22-p23.3	BDa16f1.1; D8S549-D8S1733 bzw. S280
43	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse mitochondrial genome; Unidentified reading frame	oxidored_q1_N		
44	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Mouse kidney androgen-regulated protein (KAP)		1p36.31-p36.13	SHGC-11461 (D1S2565, SGC32561)
45	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu M. musculus Tera		12p11.21-p11.23	SHGC-1349 (D12S1621/D12S1805)
46	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7		19q13.33-qter	SHGC-30173; D19S418-qTEL
47	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid T27F7	PRO_RICH	2p11.1-p11.2	D2S388-D2S2181
48	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid K11H12	UPF0005	10q23.1	SHGC-167+SHGC-11466; D10S551-D10S532
49	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Caenorhabditis elegans cosmid C43E11	PRO_RICH	Xq22.3-Xq25	siSG2963; DXS1059-DXS1047

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
50	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Caenorhabditis elegans</i> cosmid C40H1		1q22	WI-7155
51	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>C. elegans</i> cosmid K02D10		7p11.2-p12.3	Cda1bc08;D7S506-D7S499;; SHGC-17265+11581;D7S499-D7S2429
52	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu Bovine inorganic pyrophosphatase	Pyrophosphatase	3q26.1	SHGC-9372
53	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>B. taurus</i> mRNA for B15 subunit of NADH: ubiquinone oxidoreductase complex		3q13.12-q13.2	D3S1310-D3S1575
54	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein aber anders		20q13.33	SHGC-11512
55	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog zu <i>Aplysia californica</i> vesicle-associated membrane protein/synaptobrevin binding protein	PRO_RICH; MSP_DOMAIN	15q25.3-15q26.1	SHGC-69080 (D15S202/D15S1046, D15S1178)
56	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Homolog des R. norvegicus intestinal epithelium proliferating cell-associated mRNA sequence	PRO_RICH	1p32.2-p31.2	SGC34409
57	in Ovariumgewebe überexprimiert	Homolog zu Bruton's tyrosine kinase	rrm; PRO_RICH	10q21.1-q22.1	WI-11265; D10S581-D10S210
58	in Ovariumgewebe überexprimiert	dbpB-like protein	CSD; PRO_RICH	15q25.3-15q26.1	AFM282wg5=D15S202 (D15S1046;D15S1187)
59	in Ovariumgewebe überexprimiert	Tyrosine 3-monooxygenase/tryptophan 5-monooxygenase activation protein	PRO_RICH	2p25.2-p25.1	
63	in Ovariumgewebe überexprimiert	Protease, serine, 2 (trypsin 2)	trypsin	7q35	SHGC-16894
65	in Ovariumgewebe überexprimiert	Humanes Annexin IV	annexin	2p13.1-p16.1	SHGC-9858
67	in Ovariumgewebe überexprimiert	Human X2 box repressor		16q12.1-q22.1	WI-6174; D16S408-D16S3089;;Cda01g10; D16S419-D16S415

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
68	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human transcriptional coactivator PC4		5p15.1	SGC32812; D5S477-D5S651
69	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human tetrapeptide repeat protein		5q33.2-q33.3	TIGR-A002Q13; D5S412-D5S422
70	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human tax1-binding protein TXBP151		7p14.1-p21.3	SGC31789; D7S516-D7S632
72	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human prothymosin alpha			
73	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human profilin	profilin	17p13.3	
74	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human pepsinogen C	asp	6p21.1	SGC35331; D6S426-D6S271
76	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human osteopontin	Osteopontin	4q13.3-q22.1	SHGC-9669; D4S1542-D4S1544
78	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human non-histone chromosomal protein	HMG14_17	21q22.3	
79	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for protein disulfide isomerase-related protein P5	thioredo	2p23.3-p24.1	SGC31703; D2S287-D2S131; sISG1958; D2S162-D2S287
80	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0332		3p21.1	SHGC-14798 (D3S4210, SHGC-11985)
81	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for KIAA0078	PRO_RICH		SHGC-9647; D7S651-D7S477; WI-14191; D8S269-D8S1799 +2 weitere auf Chr.8
82	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human mRNA for 90-kDa heat-shock protein	HSP90	4, 11, 1, 6	SHGC-11305
83	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human major nuclear matrix protein	RBD; ZF_MATRIN	5q31.1	SHGC-3183
84	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Ku (p70/p80) subunit		2q34-q35	SHGC-11966; D2S2382-D2S164; WI-8140; D2S143-D2S164
85	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human interferon-induced 17-kDa/15-kDa protein	ubiquitin	1p36.31-p36.32	
86	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human hsc70 gene for 71 kd heat shock cognate protein	HSP70	11q23.3-q25	D20S113-D20S97
88	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human gamma-interferon-inducible protein (IP-30)		19p13.13	SHGC-32638; D19S899-D19S407

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
89	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human fatty acid binding protein homologue (PA-FABP)		17p11.2	SHGC-9883
90	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human enhancer of rudimentary homolog	ER	14q22.3-q24.2	WI-8921; D14S63-D14S251
91	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human deleted in split hand/split foot 1 (DSS1)		7q21.3-q22.1	D5S1977-D5S428 (Hs.85215)
92	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human decay-accelerating factor mRNA		1q32.2	SHGC-11228
93	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human chromosome segregation gene homolog CAS	IBN_NT	20q13	
94	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human carcinoma-associated antigen GA733-2, Human epithelial glycoprotein (EGP)	thyroglobulin_1	2p15-p21	AA113218; D2S119-D2S337
95	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human calmodulin	EF_HAND_2	2p16.3-p21	WI-9106; D2S391-D2S123
96	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human Bax alpha	Bcl-2	19q13.3-q13.4	
97	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Human antileukoprotease (ALP)	wap	20q13.13-q13.2	WI-6969 (D20S880, SGC34003)
98	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase	3Beta_HSD	1p36.11	SHGC-11459 (RH420-D1S3295)
99	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for putative progesterone binding protein		4q31.1	SHGC4-275
100	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens mRNA for galectin-3	Gal-bind_lectin	14q12-q22.3	D14S276-D14S66
101	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens monocyte/macrophage Ig-related receptor MIR-7 (MIR cl-7)	7tm_1; G_PROTEIN_RECEPT OR_2; PRO_RICH	12q14.2-q14.3	SHGC-33073
102	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Kunitz-type protease inhibitor	Kunitz_BPTI;	19q13.2	TIGR-A007F08; D19S421-D19S408
103	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens hCPE-R mRNA for CPE-receptor	PRO_RICH	7q11.23	
105	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens DNA for amyloid precursor protein	Kunitz_BPT	21q21.2-q22.11	WI-8962; D21S265-D21S260
106	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens CD24 signal transducer		6p21	AFM115xh2; SHGC-13799 - SHGC-32498

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
107	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Homo sapiens Arp2/3 protein complex subunit p16-Arc (ARC16)		1q31.1	SHGC-58249(D1S2602;WI-2775;WI-7265)
108	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Histone H2B	histone; Archaeal_histone	6p21.2-q21.31	WI-11733; D6S2276-D6S439
110	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens, gene for Membrane cofactor protein	sushi	1q32.1-q32.2	SHGC-12033; D1S456-D1S2891
111	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens TROP-2 gene	thyroglobulin_1	1p32.2-p32.3	SHGC-12661; D1S476-D1S220
112	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for Icin protein		11q14.1	SHGC-31540; D11S4179-D11S937;; SGC31540; D11D911-D11S1352
113	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens mRNA for BiP protein	HSP70; PRO_RICH	9q33.3-q34.11	WI-6005; D9S282-D9S260
114	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens HE4 mRNA for extracellular proteinase inhibitor homologue	wap	20q13.2-q13.13	SGC30446; D20S119-D20S197;; WI-30446
115	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H.sapiens for neutrophil gelatinase associated lipocalin	lipocalin	9q34	
116	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens mRNA for Sm protein G		18q21.1	SHGC-8871 (D18S484;D18S851)
117	in Ovariumorgewebe überexprimiert	H. sapiens for glutathione peroxidase-GI	NLS_BP; GSHPx	14q24.1	
120	in Ovariumorgewebe überexprimiert	CDC28 protein kinase 2	CKS	9q21.31-q22.1	SHGC-11955; D9S1812-D9S283;; SGC31294; D9S153-D9S264
121	in Ovariumorgewebe überexprimiert	B-factor, properdin	VWA DOMAIN; TRYPSIN_CATAL; sushi; trypsin		DXS255-DXS426
122	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Annexin II	annexin	15q22.1-q22.31	WI-8600+WI-9161; D15S198-D15S159
123	in Ovariumorgewebe überexprimiert	ADP-ribosylation factor like 1	arf	12q22-q23.1	SHGC-12629; D12S1727-D12S78;; WI-7420; D12S346-D12S78
258	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 2			
259	in Ovariumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 3			

Seq ID No.	Expression	Funktion	Module	Cytogenetische Lokalisation	nearest marker
260	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 4			
261	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 10			
262	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 18			
263	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 25			
264	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 26			
265	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 30			
266	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 34			
267	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 42			
268	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 46			
269	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 47			
270	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 48			
271	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 50			
272	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 52			
273	in Ovartumorgewebe überexprimiert	Verlängerung zu Seq ID No: 56			

TABELLE II

Seq ID No.	ORF Seq ID No.					
1	124	125	126	127	128	129
2	130	131				
3	132					
4	133	134				
5	135					
6	136	137				
7	138	139				
8	140	141				
9	142	143				
10	144	145				
12	148	149				
13	150	151	152	153		
15	155	156	157			
16	158	159	160			
18	163	164				
19	165					
20	166	167				
21	168	169				
22	170	171	172			
23	173	174				
24	175	176				
25	177	178				
26	179					
27	180	181				
28	182	183	184			
29	185	186				
30	187	188				
31	189	190	191			
32	192	193	194	195	196	
33	197	198	199			
34	200	201				
35	202	203	204			
36	205	206	207	208		
38	210	211				
39	212	213	214	215		
40	216					
41	217	218				
42	219	220	221			
43	222	223	224	225		
44	226	227				
45	228	229	230	231	232	
46	233	234	235			
47	236	237	238			
48	239	240				
49	241	242				
50	243	244	245			
51	306	307				
52	246					
53	247	248	249			
54	250	251				

Seq ID No.	ORF Seq ID No.		
55	252	253	254
56	255	256	
57	257		
258	274	275	
259	276	277	
260	278	279	
261	280	281	
262	282	283	
263	284	285	
264	286	287	
265	288	289	
266	290	291	
267	292	293	
268	294	295	
269	296	297	
270	298	299	
271	300	301	
272	302	303	
273	304	305	

Die erfindenischen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 der ermittelten Kandidatengene und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-
5 307 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

Sequenzprotokoll**(1) ALLGEMEINE INFORMATION:****(i) ANMELDER:**

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POST CODE (ZIP): D-14195
- (G) TELEFON: (030)-8413 1673
- (H) TELEFAX: (030)-8413 1674

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Ovarumorgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 284

(iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 2434 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1

```

cgggatttta cccggtttaa aaagcgaacc ttctcccggc tacacccgaa ggtacccaaa 60
tatgggtagg tccggttttc caacttggca aacgtatggg gaagcccggg gatggcttcc 120
ataaattttc cagcggatta tggcattcct tccaggaaat acctcttggg aaaggcctgc 180
ttgcaaatac gcatttcgaa acttgaataa taggtgtgaa cagtgtgtac cagtttaaag 240
5 ctttcacttc atttgggtt ttaattaag gatttagaag ttcccccaat tacaaactgg 300
ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgctttgc atattcacac atggtcaact 360
gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaat ttatgctgtg tggaaacta actatatgta 420
ttttaactta gttttaatat ttcatTTTTT ggggaaapat cttttttcad ttctcatgat 480
agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt gaacaaattc 540
10 aaagcacatt tgggttatta acccttgctc cttgcatggc tcattagggtt caaattataa 600
ctgatttaca ttttcagcta tatttacttt ttaaagtgtt gagtttccca ttttaaaatc 660
taaactagac atcttaattg gtgaaagtgt ttaaaactac ttattgttgg taggcacatc 720
gtgtcaagtg aagtagtttt ataggtaggt gttttttctc ccccttcacc aggggtgggtg 780
gaataagttg atttggccaa tgtgtaatat ttaaactgtt ctgtaaaata agtgtctgtg 840
15 catttggtat gatttctgtg tgtgaaaggt cccaaaatca aaatggtaca tccataatca 900
gccaccattt aacccttcct tgttctaaaa caaaaaccaa agggcgctgg ttggtagggt 960
gaggtggggg agtattttaa tttttggaat ttgggaagca gacagcttta ctttgttaagg 1020
ttggaacagc agcactatag atgaaatata aaccaaaaac ctttactgtt tctaattttc 1080
ctagattgct attatttggg tgtaatgtga gtattccaca gaaagtggta attatctctt 1140
20 ctctcttctt ccattagaaa attaggtaaa taatggattc ctataatggg agcatcacca 1200
cttattaaaa cacacataga atgatgaatt aaaaaagttt tctaggattg tcttttattc 1260
tgccacattt attgataaac agtgaaggaa tttttaaaaa atttttaaga attgtttgtc 1320
acgtcatttt tagaaatgtt ctacctgtat atggtaatgt ccagttttaa aaatattgga 1380
catcttcaat cttaaacatt tctattttagc tgattgggtc tcacatatat ttctaaaaga 1440
25 aacttttatg ttataagagt tactttttgg ataagattta ttaatctcag ttacctacta 1500
ttctgacatt ttaggaagga ggtaattgtt tttaatgatg gataaacttg tgctggtgtt 1560
ttggatctta tgatgctgag catgttctgc actggtgcta atgtctaata taattttata 1620
tttacacaca tacgtgctac ccagagatta atttagtcca tatgaactat tgaccatttg 1680
ttcattgaga cagcaacata cgcactccta aatcagtgtg ttttagacttt tcaagtatct 1740
30 aactcatttc caaacatgta ccatgtttta taaacctctt gatttccagc aacatactat 1800
agaaaaacac tgctactcaa aacacaactt ctcagtgtca tccattgctg tctgtagaga 1860
caacatagca atatctggta tgttgcaagc tttcaagata gcctgaactt aaaaagttgg 1920
tgcattagtt gtatctgatg gatataaatt tgcctcctag ttcactttgt gtcaagagct 1980
aaaactgtga acctaaactt ctcttatttg tgggtaataa ctgaaaaata agatttattt 2040
35 tcatgctcac ttcttaaaag tcataaaaaa aatcaaatag gatcatgttt attgtcatgt 2100
gtttctcgtt ttctgacctg tgtgcacacc cctgtgtgtt tataattttt aaattgaatt 2160
ttatatgggg tttttatttg ctaaaaacca ggctgttgaa tcacatttgg gaagggtact 2220
tatcttaatg actaatgact taattgggaa agttgaattc ttgtaaaata caaaatccaa 2280
ggacttcttg ggatttaatc taattgtcac ttcgttaggc agatgcactt ttttgataaa 2340
40 tggaaagtta agcataccga atgctacttt tgggtgacaa acgggcctaa tagtccgggg 2400
ggaaatccct aacgggtaag ggtcccaagt atgg 2434

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

gcctatattg gaagcagaca gcgatactga tgacattgac cacagagtta cagaggaaaag 60
ccatgaagag ccagcattcc agaatttta gcaagaatcg atggcacaat actggaagag120
10 aaacaataaa taggagactt tagcacactt cacttggttc tagaagtcca gaattttgga180
cctccacgtg aaagaactgt tcttacctct gaactggggg ctccataag ggataatttt240
cctcagagta gcaaagtttc tcttattaga gaaatcttgt gactcagatg aagtcaggga300
tagaagaccc ttggacctgg caggttaatg ctgattattc cttggccttt cccttgatt360
tatgcaagga aggaataact gagctgatac tcttccaagc ctacaacttc aagttttatc420
15 atttgaactc aagtaacttt gctgctgagg aatggaatca aaagaacgta gtctcctggg480
gaccacctca gatctctatt attggctag atgtatagcc tctactcccc cagcttcttg540
ctcttgaccc tgactgtaa gttgcccttc tattagcagc caaggaaaag ggaaacatga600
gcttatccag aacggtggca gagtctcctt ggcaatcaac caacgttgct atgaaatatg660
cctcacactg tatagctcat tataggacgt caggtttgtt gaaaaaagtg ggcaagacat720
20 gattaatgaa tcagaatcct gtttcattgg tgacttggat aaagactttt taatttttaa780
aaaaaaaaa daaaaaaa 798

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 882 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

attccaaaca tggcggtcc actaggggt atgttttctg ggcagccacc cggccccct 60
caggccccgc cgggccttcc gggccaagct tcgttcttc aggcagctcc aggcgtcct120
50 agaccttcca gcagtacttt ggtggacgag ttggagtcac ctttcgaggc ttgctttgca180
tctctggtga gtcaggacta tgtcaatggc accgatcagg aagaaattcg aaccggtgtt240
gatcagtgt tccagaagtt tctggatatt gcaagacaga cagaatgttt tttcttacia300
aaaagattgc agttatctgt ccagaaacca gagcaagtta tcaaagagga tgtgtcagaa360
ctaagggaatg aattacagcg gaaagatgca ctagtccaga agcacttgac aaagctgagg420
cattggcagc aggtgctgga ggacatcaac gtgcagcaca aaaagccgc cgacatccct480

cagggctcct tggcctacct ggagcaggca tctgccaaaca tccctgcacc tctgaagcca540
 acgtgagcaa agggcagagg cagttggcct atgagtgggc tgatgcgtga gggtggccac600
 acattccttc ctgtggactt gacatttttg aagaactctt tgccagataa tgagtccatt660
 ttagttttat gctcccattg aaaaattttc cactattttt ataagctgtt aatttcttga720
 9 gtactttata acatgtctgt agcttgata aaccaagtaa gtattttttt tttgtcttta780
 gcaaagttta gactgtgaat atgatgacac agattctttt ttatggtggc tttgcttgtt840
 ttaattttt gcatgacttt taaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 882

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

10

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2901 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

15

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

actgagtga gatgaaatca ggacactgaa acagaaaaaa attgatgaaa cttctgagca 60
 ggaacaaaa cataaagaaa ccaacaatag caatgctcag aaccccagcg aagaagagg 120
 35 tgaaggcaa gataggaca ttttacctct aacccttgaa gagaaggaaa acaaagaata 180
 cctaaaatct ctatttgaaa tcttgattct gatgggaaag caaacatac ctctggatgg 240
 acatgaggct gatgaaatcc cagaaggtct ctttactcca gataactttc aggcactgct 300
 ggagtgtcgg ataaattctg gtgaagagggt tctgagaaag cggtttgaga caacagcagt 360
 taacacgttg ttttgttcaa aaacacagca gaggcagatg ctagagatct gtgagagctg 420
 40 tattcgagaa gaaactctca gggaagttag agactcacac ttcttttcca ttactactga 480
 cgatgtagtc gacatagcag gggaagagca cctacctgtg ttggtgaggt ttgttgatga 540
 atctcataac ctaagagagg aatttatagg cttcctgcct tatgaagccg atgcagaaat 600
 tttggctgtg aaatttcaca ctatgataac tgagaagtgg ggattaaata tggagtattg 660
 tcgtggccag gtttacattg tctctagtgg attttcttcc aaaatgaaag ttgttgcttc 720
 tagactttta gagaaatc cccaagctat ctacacactc tgctcttctt gtgccttaaa 780
 45 tatgtggttg gcaaaatcag tacctgttat gggagtatct gttgcattag gaacaattga 840
 ggaagtttgt tcttttttcc atcgatcacc acaactgctt ttagaacttg acaacgtaat 900
 tgctgttctt ttccagaaca gtaagaaaag gggtaagaaa ctgaaggaaa tctgccattc 960
 tcagtggaca ggcaggcatg atgcttttga aatttttagtg gaactcctgc aagcacttgt 1020
 50 tttatgttta gatggtataa atagtgcac aaatattaga tggaataact atatagctgg 1080
 ccgagcattt gtactctgca gtgcagtgct agattttgat ttcatgttta ctattgttgt 1140
 tcttaaaaaat gtccatctct ttacaagagc ctttgggaaa aacctccagg ggcaaacctc 1200
 tgatgtcttc tttgcggccg gtagcttgac tgcagtactg cattcactca acgaagtga 1260
 tggaataat tgaagtttat catgaatttt ggtttgagga agccacaaat ttggcaaccal 1320
 55 aacttgatat tcaaatgaaa ctccctggga aattccgcag agctcaccag ggtaacttgg 1380
 aatctcagct aacctctgag agttactata aagaaaccct aagtgtccca acagtggagc 1440
 acattattca ggaacttaaa gatataattct cagaacagca cctcaaagct cttaaatgct 1500

```

5  tatctctggt accctcagtc atgggacaac tcaattcaa tacgtcggag gaaaeaatg1560
   ctgacatgta tagaagtgac ttacccaatc ptgacacgct gtcagctgag cttcattgtt1620
   ggagaatcaa atggaaacac agggggaaag atatagagct tccgtccacc atctatgaag1680
   cctccacact gcctgacatc aagttttttc ctaatgtgta tgcaattgctg aaggctcctgt1740
   gtattcttcc tgtgatgaag gttgagaatg agcggatga aaatggacga aagcgtctta1800
   aagcatattt gaggaacact ttgacagacc aaaggccaag taacttggct ttgcttaaca1860
   taaattttga tataaaacac gacctggatt taatggaggga cacatatatt aaactctata1920
   caagtaagtc agaggttcct acagataatt ccgaaactgt ggaaaaatacc taagagactt1980
   taaaaaatag gctttcttat atttgatatt tggaagaaaa agccgtaagg tgtatgtaga2040
10 ccacttaatc actaaatc tttgcctata ggactccatt gaatacatta gccattgata2100
   atctacctgt ttaaatggcc cctgtttgaa ctctcaagct ttgaagacct acctgttctt2160
   ccagaagaga acgttgaaa tgccatgttt ccttttgcgt gatctctgtt gatggcactc2220
   tggaaattgtt tcagttaagt catttttagc atagcattta ttatcactgt ggatctctac2280
   ttgttgggtg ttatgaattc tttgaagaaa tatattttga agaggtgtgg gaggaaggaa2340
15 tacattttat aaaatgttgt agtgaagccc acaattgacc ttgactaat aggagtttta2400
   agtatgttaa aaatctatac tggacagtta caagaaatta ccggagaaaa gcttgtgagc2460
   tcaccaaaca aggatctcag tgtagatttt gtctttcttg aacttaaaga aacaaatgac2520
   aaagtttgaa tggaaaagcc tgctgttgtt ccacatctcg ttgctgttta cattcctttg2580
   tggagcctac atcttcctaa gctttttagc aggtatatgt tgaacacttc tgtttcatgg2640
20 ttgagacaga atcagaggcc atggatactg acaactgatt tgtctgtttt ttttctctgt2700
   ctttttccat gactcttata tactgcctca tcttgattta taagcaaac ctggaaaacc2760
   taaaaataa gtgtgtgtgt ttatctagaa aaatatggaa aatattgctg ttatttttgg2820
   tgaagaaaat caattttgta tagtttattt caatctaaat aaaatgtgaa ttttgtttaa2880
   aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 2901
25

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 579 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

50 aaagaaagag aaagaaagaa aagaagattg tagctagggg gagagtaggt gaaaagatga 60
   acaacatgac cgggaagatt tcctaattctc accacagcct ggctctacct taagtcttta120
   ataaaagctt gactgaaggt accaaggtgt gctgaagtgg aagcaaagt ctccaaagtc180
   cagcatggtg gacatcagtg gtggttaacca aggacagacc ccaaggcaag gtgaacctca240
55 aaaatggaac ctcaagtcta tgcagtcag ctgccctccc caccagaaag tccttgttcc300
   agcccaacat cagtgcctct gagtttgttt actagaaaca aaggaagaat ttcttgttaa360

```

aaatatagac agagtagtcc ctggctttct cctcttgag gaaggatgga ttctccatt420
 ccataccatc ttccccccac actggcccca gaaatactta attcaactat gtgaaaataa480
 agattgtttt tggtttgagg gcatagggat ccatttatcc ttattcttta tgaggcacta540
 aattagcttt gtatgttatt aaatgtgtct cgtcaatgc 579

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO:6:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2809 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

30

gcagggcctc gtgcccgttg cataaataagg ttttctcact cttctttttt tccttctttt 60
 atccctcact cctccccta aaccctgctt cagcacaatg gactaattct agcattctga 120
 tcataaggcc ctccattttc ctaatgtgtt tcaaggaatc tttttaggaa aaatatccag 180
 attattcatc cacttttttt agtatctact aacaactcct ttttttctct agagagtatt 240
 35 gaaggaacag gttgtccttg tctggagtca agctaaacac atgatttggt ttatcagcag 300
 ctggagcaga agttgaaaat gtctttctgt gagacagtaa tttgctactg aagctttatg 360
 gcttgtrtg actgattact ccaggatcca aaaacttggg gaaagtcact gaaacactca 420
 aggcaaatca ctttacagcc ctgagtgtct gtcaccatag tttgcataat gaatatgaat 480
 cccattgggtg tgtgatgtag gaaatcctgt agttgtattt tcttgaactg aaatatttga 540
 40 ctcaaaataa ttaagactca ttgtcatttt tcatcttggc attattgtgg acaagttgac 600
 atattaaatc tctttgcttt ctggtaagct tagcttttaa aatgcatttt cccttgctct 660
 gtctttaact agatatacat gcttatattt atagtgggtt tcacagacta taaaattgaa 720
 tgtatgaaat ttttatttat atcagtgtct ttaataatga agatattttt ggagtaattg 780
 tgctgtcttg tagcgagtta ttaatcatag taagattttt ttctcttcat ttgctttttt 840
 45 tgtttcatat taacaatttt ttttttacac ggacacaacc ctctgacagt ctttccaaat 900
 attaaaatca tttgaatatg tatgctgtga tctgaacact gctcaagcca tcaagcagtc 960
 ttcatacagt ttgcattata aaatctcatt aaattctcca agaaaaata agttgaagaa1020
 ttttatttcc tgaccatgca tcccctggat ttctgagttt cagttcagat ttagatgac1080
 aatataagct gccttccgaa attgtcaaca tctgaatgtt aagtccattt tccccatgga1140
 50 agaagcccggt agttccatga agtatggatt accatttgta tttttcacta acagtaaatg1200
 tatttttctt attaatgttt tgcccttagga atgatgaatt acattttttt ttcttctt1260
 ccataaacat ctgcatctct cagctcagcc ttcttgatg gttgtttctt tataaatgg1320
 tgagctgctg atgcaggtat tgccaaagta acagtacaaa tcatttttaa gaggaagctg1380
 gcgcgtatgg cagccgagga gcacactctg caggacactg gacaagacag taaatattca1440
 55 acttttaatg ctgattaaag gagtataggt aaagaatacg taggtataca taattgggtga1500
 gacaaatatt cactttattt atattttata tattattttt ttaatttggt aaatactatc1560
 cagttttgta gttgtccttg ttgatttggt tgatattaaa gtattagtaa taattgccag1620

```

gaaactatca ttagggaggg tttagttggt tgctgtttgg actgggaggg atgattttaa1680
tttagtgcta gaaaccaatt ttagtgactg cacagtttat catttgtcag acagaaggta1740
gctataaagc taccctgtaa gtcatatcaa aaaagttcag aggaagatta gtaaatattt1800
atcaataaaa ataaacattt tgtttttcta atatcttaac atatcctccc ctttaggagg1860
5 aagaacgtgc aaaacgtgag gagctagagc gaatactgga agagaataac cgaaaaattg1920
cagaagcaca agccaaactg gccgaagAAC agttgagaat tgttgaagaa caaagaaaga1980
ttcatgagga aaggatgaaa ctagaacaag aacgacaacg tcaacaaaaa gaagaacaaa2040
aaattatcct gggcaagggg aagtccaggc caaaactgtc cttctcatta aaaaccagg2100
attaaattgc aaactctgaa ctttttacaag agaaaaatgg aaaaactttg tatggtagct2160
10 tcatgttgaa gtgggttttt gttttgttt ttgttttttt aatttgtaaa atctggaaag2220
ttagcttggt ctaatagggg ctatgctctg caattccctt ttttttttt ttttttccct2280
ccactaagtc aaatccttat cagatcattg ttgtattcta aggagtgcag tatttttcac2340
ctgtttggat tctatattag tggctctgag aagagcagat cacattgtta aactatggat2400
ggctcgataa ggcttttact gacccactg acttcagagt tatactctgt ttgtacatc2460
15 ataatgctgg ttttgcctgac tttttgttt ttatatatt tataaaaaa gaaaaagttg2520
gtgattgcat tgggaaattc ccagggtatt actggaccta tgggtgtat tgtaaacca2580
gtgtccttgt gatactgttg ctcttgatgt tcctgataca ggtaaggaaa cagtgggtca2640
actctgatac aaagtatata tacagttcag tattgtctct gttcattttg tttttatttc2700
attgacaaaa tcaaaccagc attccccatt gtgtaataaa atgattttgc tgaataaagt2760
20 aaagtcttaa attcaaaaaa aaaaaaaaaa gaaaacaaaa aaaaaaaaaa 2809

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 910 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

45

```

agttcggcac agagaaagta ttttaaccta cctgtagaga tcctcgatc ggaaagggtgc 60
caaactgttt tgaatggaag gacaagtaag agtgaggcca cagttccac cacacgagg120
cttttgattt gttctacttt ttcagccctt tactttctgg ctgaagcatc cccttggagt180
gccatgtata agttgggcta ttagagttca tggacatag aacaaccatg aatgagtggc240
50 atgatccgtg cttaatgatc aagtgttact tatctaataa tcctctagaa agaaccctgt300
tagatcttgg ttttgataa aaatataaag acagaagaca tgaggaaaaa caaaagggtt360
gaggaaatca ggcatatgac tttatactta acatcagatc ttttctataa tatcctacta420
ctttgggttt cctagctcca taccacacac ctaaaactgt attatgaatt acatattaca480
aagtcataaa tgtgccatat ggatatacag tacattctag ttggaatcgt ttactctgct540
55 agaatttagg tgtgagattt tttgtttccc aggtatagca ggcttatgtt tgggtggcatt600
aaattgggtt ctttaaaatg ctttgggtggc acttttgtaa acagattgct tctagattgt660
tacaaccaaa gcctaagaca catctgtgaa tacttagatt ttagcttaa tcacattcta720

```

gacttgtgag ttgaatgaca aagcagttga acaaaaatta tggcatttaa gaatttaaca780
 tgtcttagct gtaaaaatga gaaagtgttg gttggtttta aaatctggta actccatgat840
 gaaaagaaat ttattttata cgtgttatgt ctctaataaa gtattcattt gataaaaaaa900
 aaaaaaaaaa 910

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

(i) SEQUENZ-CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1447 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

gcgacggcgg cttagaaagt gcttcctgga gcgcagacga ggatcatgaat catgtgacgg 60
 tggcttgagg aggaacctgt ctttaaagct gtccctgaag tgacagcgga gagaaccagg 120
 cagcccagaa accccaggcg tggagattga tcctgcgaga gaaggggggt catcatggcg 180
 gatgacctaa agcgattcct gtataaaaag ttaccaagtg ttgaagggtt ccatgccatt 240
 gttgtgtcag atagagatgg agtacctgtt attaaagtgg caaatgacaa tgctccagag 300
 catgctttgc gacctgggtt cttatccact tttgcccttg caacagacca aggaagcaaa 360
 cttggacttt ccaaaaataa aagtatcatc tgttactata acacctacca ggtggttcaa 420
 tttaatcgtt tacctttggt ggtgagtttc atagccagca gcagtgccaa tacaggacta 480
 attgtcagcc tagaaaagga acttgctcca ttggttgaag aactgagaca agttgtggaa 540
 gtttcttaat ctgacagtgg ttccagtgtg taccttatct tcattataac aacacaatat 600
 caatccagca atcttttagac tacaataata cttttatcca tgtgctcaag aaagggtccc 660
 tttttccaac ttatactaaa gagctagcat atagatgtaa tttatagata gatcagttgc 720
 tatattttct ggtgtagggt ctttcttatt tagtgagatc tagggatacc acagaaatgg 780
 ttcagtctat cacagctccc atggagttag tctggtcacc agatatggat gagagattct 840
 attcagtga tcagaatcaa actggtacat tgatccactt gagccgttaa gtgctgcaa 900
 ttgtacaata tgcccaggct tgcagaataa agccaacttt ttatttgtga taataataag 960
 gacatatatt tcttcagatt atgttttatt tctttgcatt gagtgaggaa cataaaatgg1020
 cttggtaaaa gtaataaaat cagtacaatc actaactttc ctttgtacat attattttgc1080
 agtatagatg aatattacta atcagtttga ttattctcag aggtgtgtgc tctttaatga1140
 aaatgaaaaa tatagctaatt gttttttcct caaactctgc tttctgtaac caatcagtg1200
 tttaatgttt gtgtgttctt cataaaattt aaatacaatt cgttattctg tttccaatgt1260
 tagtatgtat gtaaacatga tagtacagcc atttttttca tatgtgagta aaaataaaat1320
 agtattttta aaaaataaaa aaaaaaaaaa aaaaaataat tttttgttc agactttttc1380
 caaaaatcta aacataatta atatactctt tcagccacat gaataaataa tgagtgtttc1440
 ttgtaaa 1447

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 671 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

```

25 agcgcggtga agcgggggtg ggatctgaac atggcggcgg tggtagctgc tacggcgctg 60
   aagggccggg gggcgagaaa tgcccgcgtc ctccggggga ttctcgagg agccacagct120
   aacaaggctt ctcataacag gacccgggcc ctgcaaagcc acagctcccc agagggcaag180
   gaggaacctg aaccctatc cccggagctg gaatacatc ccagaaagag gggcaagaac240
   cccatgaaag ctgtgggact ggcctgggcc atcggcttcc cttgtggtat cctcctcttc300
   atcctcacca agcgggaagt ggacaaggac cgtgtgaagc agatgaaggc tcggcagaac360
30 atgcggttgt ccaacacggg cgagtatgag agccagaggt tcagggcttc ctcccagagt420
   gccccgtccc ctgatgttggt gtctgggggtg cagacctgag gagcgctgcg accctcctag480
   gctattgact gttaagtcct caggtttggc ccagattcca gttcgtgcct ctgaggtcca540
   ccagaggggc catgaagccc aggctgttgc caaacctac cctgccccac accaaggagc600
   ccaccaaagg caaataaagt tattgagtgt ttagtagaaa ggaaaaaaaa aaaaaaaaaa660
35 aaaagtcgac c
                                     671

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 803 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

5 gaagatgagg tggagaaga gtcaacagct ttgcaaaaaa ctgacaaaaa ggaaattttg 60
 aaaaaatcag agaaagatac aaattctaaa gtaaaaccca aaggcaaaagt tcgatggact 120
 10 ggttctcgga cacgtggcag atggaaatat tccagcaatg atgaaagtga agggctcggc 180
 agtgaaaaat catctgcagc ttgagaagag gaggaagaaa aggaaagtga agaagccatc 240
 ctacgagatg atgatgaacc atgcaaaaaa tgtggccttc caaacatcc tgagctaatt 300
 cttctgtgtg actcttgcca tagtggatac catactgcct gccttcgccc tcctctgatg 360
 atcatcccag atggagaatg gttctgcccc ccttgccaac ataaactgct ctgtgaaaaa 420
 15 ttagaggaac agttgcagga tttggatggt gccttaaaga agaaagagcg tgccgaacga 480
 agaaaagaac gcttggtgta tgttggtatc agtattgaaa acatcattcc tccacaagag 540
 ccagactttt ctgaagatca agaaagaaaag aaaaaagatt caaaaaaatc caaagcaaac 600
 ttgcttgaaa ggaggtcaac aagaacaagg aaatgtataa gctacagatt tgatgagttt 660
 gatgaagcaa ttgatgaagc tattgaagat gacatcaaag aagccgatgg agggaggatt 720
 20 ggccgaggaa aagatatctc caccatcaca ggtcatcgtg ggaaagacat ctctactatt 780
 ttggatgaaa aaataataac ggc 803

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 828 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

45 agcaattcca ggctgggggtg tttgtttgga ctggagaagg gaggcggcgg gcgaaggcac 60
 gtcgagcggg ggagcggcgc tgctgtgga gatccgcgga ggccgacagg attcgttggc 120
 tgccgtcccc gctgctgtgc attgggttaa aaacgacaac caacatcagc catgaaagat 180
 50 ccaagtgcga gcagtactag cccaagcatc atcaatgaag atgtgattat taacggatc 240
 tctcatgaag atgacaatcc atttcagag tacatgtgga tggaaaatga agaagaattc 300
 aacagacaaa tagaagagga gttatgggaa gaagaattta ttgaacgctg ttccaagaa 360
 atgctggaag aggaagaaga gcatgaatgg tttattccag ctcgagatct cccacaaact 420
 atggaccaaa tccaagacca gtttaatgac cttgttatca gtgatggctc ttctctggaa 480
 55 gatcttgtgg tcaagagcaa tctgaatcca aatgcaaagg agtttgttcc tgggggtgaag 540


```

tacggaata tttgaqtaga cggggccctc ttttgggtgga tgtagcacia tttccacact600
gtgaaggcag tattagaaga ctttaattgta aaagctctct tgtcactgtg ttacacttat660
gcattgccaa agtttttggt agtcttgcat gcttaataaa agtgctgaga cacttggtac720
ctaagtaaaa agcctgggtcc aaaccatttt actgggaaaa taggattggg gccccatggc780
5' cttggatggt ggaagaccgc caaggggaag gaaccaccag gcccaagt 828

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 552 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

25

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

30 ttggtttccg gcgccaacca atgtgggagc tgtaatagta agagcttccct aaccaaagct 60
 tgggtattacc gtgtgggggt tegttttttt cgtgggtggt tatttgattt tgattttttt120
 ttcttttatg tgatcttttg gaaaacacat tcagaattat atctcgtttc tacttaaagt180
 tagtgcttag ggtaatttt ttgtactgaa gtctttattg gtgggtgcat gctactggga240
 35 acaagttttt gtacaaaagc ttcaatcaga atcactgtgc attactgaga ctctgtttat300
 cactagcctt ctgtccctcc cgcagaagac tgttggtattg aacaaaataa tatgtatttt360
 gatttactta aagtgttgt aaatttctta gggacctgcc acttttgact gtggatcagt420
 tgatgtacac ttgtattatt aaagcactca ataaatcact gtggctgata actgcaaaaa480
 40 tgggaaccgc acatttgctt tgtgtcctgg tgaccgctgt agccctacgt gcagtgaggc540
 ctgtctaat tc 552

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 993 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:

gcggtattaa tatttaattt atttttttta cttataggtc atgttgatgt ctatgataaa 60
cagatgtttt gcctctgaca gcagaacttc ctttcatttt tctcattcgt tttctttggt120
15 gggttcattt ttttgaatca accacacttc attattttcta ttaagcaatt tgacaggact180
gttgtagcct gcagtgtagt aaaccttctc atcgaaaact tttccatctt cctttaaata240
gcttgctaata gtcaaaagtt gttcttgatt cttttgggca ctagaaaatc catcgaaaga300
ccgtacaaac acagtcattt cggtctatc ttcaatgaag acatctgact cttaaaggcct360
gggtggatca aattgctgtt cagagggaa atacaggga atggtaatgg tagactcact420
20 aaaaggacct gaaccaggct ccacgtagct tgtcactgga gctgtcatct ttattttcat480
ctctttctcg tttttgcctt gaatgtagct gttcagtttc gtaaagcccg tctggatggc540
tgaatcccag tccatagact ccacggacgt gctgaccac ttggctggc catagtgtcg600
gatctcataa ctccgggct gggggccggc gtcctccggg gccttcagc ccggcgtctc660
cacagcttgg gccgcgcgt cctcgccgc cccggggtct ggctggagcg gctcggccat720
25 gggcggcgtg acgtctgtg agcctggtca gccgcgcaga ggccccgcac cccgggccgc780
cccgcctgct tgtgcgcgcc ccgcgagcc cccgagtcct cctccgcaga cccggtccct840
cctcccgccc gggtggaga cccgagccca cccgatgcgt ctgcctctgg acccgaggg900
ggcgcgcgca ccaaggcggg gccggctcac gaccccgac agctccggcc ggagttgcgc960
gtcctgcccc cgcccccccg cggcgacagg gag 993

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35 (A) LÄNGE: 2273 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:

```

ctgcacctta gaaaaaaaaa gaaaaatcaa aaaaacaaaa aaacaaaaac aaaaaaagaa 60
ggaaaatcctt ggagggtggg cgtgggaact caggacccca gagtggcgag tgggtgtggg 120
aggagagacc tctctcccc tttctgtgt gagaggaaact cttagtgtct ggtgcagcta 180
ttaaatgtgc aatgtgtcaa gtagcttgtt ttacacgcta caacatagct catttgtaac 240
5' ccattgtata agctgtgtat ttacaaatat aacacaacaa ttttaactttt ccttagaata 300
caaaaagtca tgcattggtct ggggaactat atgcttttcc atttttaagt caggactgca 360
atactgattc cagttaatga gcagbtaaga tccaatctgt ctaatacagt gacccctag 420
ccatccgggc ttggcaatat acaatttttt tccccctcca agtttgtaac actcccttc 480
cagaaaggca ttgtgcaaca caggattatt tttaaatgat tctgaatttg aattaacttt 540
10' ttggagaatt ctgtgatgcc cttagaagaa attggacacg tattgagtgt cacaagctg 600
gggctgggaa ttgctggtct aaagtttcat tagacttaag aacctaaaat ttttctcagt 660
tgggtggata aaaccactaa cgcttagaaa ctgttttctc atgcagctat gtttctctta 720
tttatgcctt gaggactaat ttctgtgttt ctactgttta atgcactgtt gaccttcata 780
atggtgcctt acgcaagcga tcccttctgt gggggtctca tacaggggtg tggcgatgc 840
15' atgcttttatt aaggctcttg tttcacctgg cagtgtactg tatcaacgta taatacagaa 900
aaaaaatctc ttttaaggctc tccctcacaa agacatagag tgaaactccc tttacatgct 960
agtatttggt caacacttta ggcaacttga ctgtcagtgt taaaaatggaa aacaggaaaa1020
tgaaaaaatc tgaccaattc tgccaccttg agactttcat atagaccttg cacaacaatt1080
gtatagatca cacaccggct gtatttaata tgtaacattt tcacacatat taaagataca1140
20' gaagtattaa aaaaccccca atgttaatgt atttgcttaa aaggcacaag tttcacatat1200
ctgtctagct atctgttggt aatacagaaa gtatactact tttttaaaaa agtgggcaga1260
attcttgtgt atgtatatat gtgtgtacag tatgtgtatg tgtgtatata tatatattat1320
atatatagat aatatataaa tttttttttt aaggagaaac tagaatgttt agctagaaaa1380
ttccacagcc tgtgaagaaa ttttcaaaa tggccataaa ggaggtaaaa atgaaaacca1440
25' taacctaaact tttatagagg ctttatcttt aatttaacga tgtgcggagg actttcttgc1500
ttgaatctgt tccgggctgt ctgctctgtc catcaaatgg gcaggctctg aatggggcac1560
cttcggccgt tcagaagtgg cctgaacaga atgctggaac ccaggctgga ctcggacaca1620
ctaagggtttt gattttgaaat ttcagcctta ttagaagatc taacctaaaga gtaagctaac1680
cacagggtatt cttttgtaga acacttttta tgcagatgaa gctatttttt ccagcaagta1740
30' gattcttcca gtttttccaa ggagtaattt ccccgaaatt gcataccacg gcgtggacag1800
ctgatatttc acccagctgc tggcttgtgg gtgtggctct ttgctttata tataatataca1860
cacatgtgag tctggctggg ctggtatttt gtttgatctt cctggaaatg agcagtgact1920
aacgctcaca taactggtt tttttttatc tgggctgatg aatacattta cctaagaaac1980
tcatttcggt ttacttaaga ggggaagtgc agttttcttt tggcagttca gaatccaagc2040
35' acttgatttg ctgggttttg aaaactcctt ttttggcctt ctatgtgctt agccataaca2100
attccattaa gcaagaagg aagcaaaaaga caaaaaaaa aaagggaaaa aaaaaaaact2160
tgcacgggct tgtctcactt acgaaacatg tcggagctgt ttgcctgggt ggggctgggt2220
accgtacctg tcaatgcctg ggattttcca taaatttagc acgggacata aag 2273

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 986 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:

```
gcgcgatata aacagttgga agagaaaatg gtacagcagt tacaagagga tgtggacatg 60
gaagatgctc cttaaaaatc tctgtaacca tttcttttat gtacatttga aaatgccctt120
tggaactctg gaactgctaa attattttat tttttacata aggtcactta aatgaaaagc180
10 gattaaaaga catctttect gcattgccat ctacataata tcagatatta cggatgttag240
attgcatctc agtgtaaact ctttaotgat agatgtactt aagtaaata tgaaaattct300
actgttaact atagaagtga attgtggacg taaaaagggt gtgctatttg gataatggca360
ctaggcagca tttgtatagt aactaatggc aaaaattcat ggctagtgat gtataaata420
aaatattctt tgcagtaaaa tttctctttt gttaatgtta tagaagggg gatacaaaa480
15 ggaactaaca atttgtatgg cagtgtcaga ttttttatt ttagtatttc ctgttttgg540
ttatttgcat cttagaagag cataa gaca ttgtttgatg aagcctaatt atgctggact600
gttttgacct ggtttaaccc ttctgatagg tagttgtgga tgctggggat gagaactgaa660
taactcttgc ctggagtgc actacactct agaatttcca ctttgagaa tactcagttc720
caacttgtga ttctgatag aacagacttt acttttctag cccagcattg atctagaagc780
20 agaggaatcc cagcgccctt taaaagttgt tatgtggtt tcttttaaaa agctcctgtt840
tttgaaaagt agaatttatg ggtacaacgt atgttcatta tttgtacata aaataaaacc900
atttaaaaag ttaaaaaaga aaaaaaaaag gggggaaaaa aaaagagaaa aaggaaaagg960
aaaaagaaaa aggagggggag aagaga 986
```

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 526 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

```
gcgtctatat tacatttatt gacactggat atttattatc tgttatatac caggcaaaat 60
ggacacacca tcaggagata agacctgtat cttacgtgta agatgaaact tatgcaaaag120
gcacagaaca aattatttgt tcacagttac ttttaactct ttcagcaatg cctgagtcct180
ctttatagaa acttcatttt gctaagttag caaccattca ttttttgggt tactcttc240
gtatagtttt ctcaagtgtc tcttcaaata ctgcataatg gtatagacca tttaatattc300
caaacataat ctgaaagact agaggaatcg ccattaattt catttggtgt tgacaaagcg360
55 tcatccaatg gattaaaacc cttccttttg gtggcagtgg aacggtatga tacctaaaaa420
```

gaaaaaagag ttaatcacct ctcttgata tgaatgctat tagaagtttg ttgactttctc480
ctaaattgat aattgccttt ctatgctat aatgtagaga gcaaaa 526

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1765 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

tttttttttt tttttttttt gctgtttttt atttattttg gattgttgtc aaataataat 60
ttatttttaa aaaatctcaa aacatgttca aacacattca gtagcaaaga tccaccattg 120
30 gcacacacat taagaaagca cacacactag gcttctagtt gggctaatta aaatctctat 180
ggctggaaag gtggttggtt gtacttaatt aagctttttt gaagtgcata gctatgcata 240
acagatgagc ttgaaagctg cagagtttaa gatagactta atttttcatg attttcccaa 300
agccagtcac gatatttatt taatttggtg tcttcagggt gcaccaatcc catgaagctc 360
aattggatac ttccactgct ttgtcaggta ttcactctgag aacttgacaa tggtttttgc 420
35 ccgaagatcg tagagaccaa gaggtttaag aagttctgac acatctctcc agtctgcggt 480
tcttgctacc tcagctgaag gatacttctc cagaaacttc caaagcacag gtattgccat 540
tttgctgag gtccgattga gaaatatagt agcagtgaga agcttccatg gatcatgaaa 600
aagtgtttct tgaacgagat taaaagggtga ccgaggaggt gtccatttct taaaggcttt 660
acgtcgtggg gggctaagag cttctttggt atatttgctg gaaaaataca ggcttgtttt 720
40 cttcttttct atctgtgttc gtgggatggt atcttcagt aagcttttcc tggttggtga 780
gcagttgttg tccatttcag agccacgttt taaaatgtca gtatgcaa atgtcttttct 840
ttccacaact tctacttttg ttccgatttc ttcagattct aaaaagggtat cctcatactt 900
ctcgttggtg tctgagtcct tgcctgaaca aaatttggtt atgatgccag aagttttttg 960
ttcagaacaa aaatttgatc ctgaactcaa tgatctttct ttttttttta caaggctgtt 1020
45 ttcttctactg gtcacactga ggtcttcacc acatgctcca gcatcagaaa tgcagacagt 1080
tctatcaagc tgactttttt gtgcaacagg ttcactttca gcatctgctt tattacacac 1140
agattctctt ttgctatcac ttgaaacaaa acctgaacag ctcttctctac atcttttttt 1200
agttttctta attgggattc ctttcaaaat agtcacctt cctttgggct ttctaacctt 1260
tctgaagtta acatcatcaa caccctcatc ttctttcaaa agcaaagtga tgggaagtaa 1320
50 gttagagagt cctctgctct cctgcaactc tgaactacta ctggcgga taaacacatc 1380
ctttttgcac ttgcttcggg tcctgaggtt ccagtttgaa ttgttacttt ggtttttagt 1440
atgggatgac agggctgcca tgctgcagtc ttatatctt gacttgatac cccttttaga 1500
aagtacagta aaatcaaaat cttctggctt aagagaagtc tctccatttt tgtgaagata 1560
attagcaagt gaacttttgg atctgaactt cagtccttgt gggctagaaa atgatatta 1620
55 aggaaactta ctgctagtaa atagaaggga cttttaaaag aactggacca catttcagat 1680
ttctaattaa ttccaaatg ttgccatag tatctgtcat ttaaaaatga aaaagagtga 1740

taaatggcac ttttaaattgg tttcc

1765

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

5

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 746 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

10

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

15

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

gttttttttt gttttcttta aatttggatg tctctacacc actcctgatt tgtaggacta 60
aatagatcta tttattccaa tgcaaattgt gtaacattta tttcttcctt gatttttaaa120
30 aatacttttag tattcttaac tatgtatgtg cttctcttta cactgagttc ttttttgctc180
ctttcagctg ctcacacaat cctgtctgtt ggagtcatag ctgctaattc catattattt240
ctctacacac cttgaacatt tagtgtatta ctggtaccct tctgtgttct aggaaacaaa300
tgaattgcaa actggacttg taacaggatc atacatagag caacaaatta gctactggct360
ttgtaagata gtaagttagg aatttcacag tcatgtctcc aaatttcag gtagagttta420
35 aaaaacaata taagactgtg gtaaggtaga aacgcaaatg caatttgctg tgactaattt480
cctaggactt atttccttat gtaaaacccc tggtctttct ttcttgccac aagacagggt540
acaaagcttt ctaaaacatg ctctcaggtg tccacacctg agacattgct ttgtggatac600
tctcaaagggt gtccacaaag caaaaaaatc agaccaaatg ctaagagcaa gtaacttata660
cctcaccacc tggacatggc actggcaaaa gtcacttcag cattagaaca gtaatgtttt720
40 tgctaaatta ctaaaataat agccgc 746

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

(A) LÄNGE: 659 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

agcagactca caccagaact acattccctg gccccctgcc tgtgtgcttc tggccaggcc 60
ttggttgcca agtctgaccc gagaaaagga tctgcagaaa atcagactat gggatcactt 120
15 tgtttgtgca ttgggaatga cattctttcc caccocagga aaacctttgg gactttcaga 180
gacattgtgg ctagccaacc acatgggtcag cctcaaagtt gagaggctca gtaacctccc 240
tatccctaga gaattccaaa gtgtggatgt aatttaacta gaaagccatt ggtgactatc 300
tgtgatcctc tggaagtatg ctatgtttgtg tatactctgc atccaaagcc agagggaacc 360
acaatgacta gtaaaacggg ggtctcaatg cccacttagc ctctgcctct gaatttgacc 420
20 atagtggcgt tcagctgata gagcgggaag aagaaatatg cattttttat gaaaaataa 480
atatccaaga gaagatgaaa ctaaatggag aaattgaaat acatctactg gaagaaaaga 540
tccaattcct gaaaatgaag attgctgaga agcaaagaca aatttgtgtg acccagaaat 600
tactgccagc caagaggtcc ctggatgccg acctagctgt gctccaaatt cagttttca 659

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 357 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

cgagtgccg agccgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
50 tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg 120
cgccgcgccc ttctccctgg agtaccgagt cttcctcaaa aatgagaaag gacaatatat 180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggta aggcacccct gtttttggac 240
acagtcctct tactcagatc agctagttct acatatgaat tttcttatat gtctctcaac 300
aagtgcctaa aatgcctcgt tgtgctgtga gtaaaaggtc gttgattagg ctggggcg 357

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 890 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

25
 30
 35
 40

```

cggaggcagc ggaaagccga gccaggcgcc tgcgcgctgg gaagagtagg ttcagagtgc 60
attccggaac ccggggcgcg gcgcactgcg caggcggccg gactccgctc agtttccggt120
gcggcgaaaca ccaaagtccg ggaacttaag cattttcggg ttctagggtt gttacgaagc180
tgcaggagcg agatggaggt ggacgcaccg ggtgttgatg gtcgagatgg tctccgggag240
cggcgaggct ttagcgaggg agggaggcag aacttcgatg tgaggcctca gtctggggca300
aatgggcttc ccaaacactc ctactggttg gacctctggc ttttcacctc tttcgatgtg360
gtggtgtttc tctttgtgta ttttttgcca tgacttgttc gctgatatct aaattaagaa420
gttggttctt gagtgaattc tgaaaatggc tacaaacttc ttgaataaag aagacaggac480
tctcaataga agaatttcac atctccaagg gacccttctc ttcattttac actttgttac540
taatttgcag aactctatta attgggtagg atttcaccca ttcctagcta agttcttaaa600
attaaaccct ttggttcgtg tttaaaaact ttcaaacatc tgatggcttt acaggggctg660
aatataaaaag catttgtaact taaaggctct gtgtattcat taagaaatat agtaatgtct720
tttaatgttt taagagttga tcagggttta ctatggatgg caagtaatag ggatgattaa780
taaggggaag gtttttatgg aatttcaaaa gtcaatttat ttcaaaagcg ggggaaaggg840
ttttgagagg aggggggccc aaggtgttcc tggggtttgc cgagggaggc 890
  
```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 45 (A) LÄNGE: 651 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

gccgtatatt gcatactaca tcagcaaaag gtgttgccgc tttataagcg ggcgctacgc 60
 cacctcgagt cgtggcgct ccagagagac aaataccgat actttgcttg tttgatgaga 120
 15 gcccggtttg aagaacataa gaatcagag gatattggcg aggccaccca gctgctgaag 180
 gaggccgagg aagaattctg gtaccgtcag catccacagc catacatctt ccctgactct 240
 cctgggggca cctcctatga gagatacgtat tgctacaagg tcccagaatg gtgcttagat 300
 gactggcatc cttctgagaa ggcaatgtat cctgattact ttgccaagag agaacagtgg 360
 aagaaactgc ggagggaag ctgggaacga gaggttaagc agctgcagga ggaaacgcca 420
 20 cctgggtggtc ctttaactga agctttgccc cctgcccga aggaaggta tttgccccca 480
 ctgtggtggt atattgtgac cagaccgccg gagcggccca tgtagaaaga gagagacctc 540
 atctttcatg cttgcaagtg aaataatgta cagaacatgc acttgcccta ataaaaaatc 600
 agtgaaatgg taaaaaaaaa agtgcccttg tagtatgcaa taataagcg c 651

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1256 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ctcgagccga attcggctcg agctttcatc tgaccatcca tatccaatgt tctcatttaa 60
 50 acattaccca gcatcattgt ttataatcag aaactctggt cttctgtct ggtggcactt 120
 agagtctttt gtgccataat gcagcagtat ggaggaggga ttttatggag aaatggggat 180
 agtcttcatg accacaaata aataaaggaa aactaagctg cattgtgggt tttgaaaagg 240
 ttattatact tcttaacaat tcttttttca gggacttttc tagctgtatg actgttactt 300

```

aaactatcta aaatagagca ttttggtatc tttcatctga ccatccatat ccaatgttct 360
catttaaaca ttaccagca tcattgttta taatcagaaa ctctggctct tctgtctggg 420
ggcacttaga gtcttttgtg ccataatgca gcagtatgga gggaggattt tatggagaaa 480
5 tggggatagt cttcatgacc acaataaat aaaggaaac taagctgcat tgtgggtttt 540
gaaaaggtta ttatacttct taacaattct tttttcagg gacttttcta gctgtatgac 600
tgttacttga ctttcttga aaagcattcc caaatgctc tattttagat agattaacat 660
taaccaacat aattttttt agatcgagtc agcataaatt tctaagtcag cctctagtcg 720
tggttcatct ctttcacctg cattttattt ggtgtttgtc tgaagaaagg aaagaggaaa 780
gcaaatagca attgtactat ttgtaccaaa tctttgggat tcattggcaa ataatttcag 840
10 tgtggtgtat tattaatatg aaaaaaaaaa tttgtttcc taggttgaag gtctaattga 900
tacgtttgac ttatgatgac catttatgca ctttcaaatg aatttgcttt caaaataaat 960
gaagagcagc tgtccttctt tctcttttta agtgttcagc tgtggcatgc tcagagggttc 1020
ctgctggatt ccagctggag cgggtgtgata ccttctttt tcagctgttc gtgccttctt 1080
ttcttgtatc caccaaagtg gagacaaata catgatctca aagatacaca gtacctactt 1140
15 aattccagct gatgggagac caaagaattt gcaagtggat ggtttggat cactgtaaat 1200
aaaaagaggg cctgggaatt cttgcgattc catctctaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1256

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 694 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

```

gtttctaaag gatgtgtaag aaaccagagg taaaggcttc gcgatatctt aagacatccg 60
gcgtagtacg cttcagtgag ccacagcgct agagaagtag gagaagctcg cgagatctgt 120
gccgttgccg aggagactag gaggggagg agaggggatc tcgcgaaagg aaagaggtcg 180
45 ggagcgctcg cgagatctcg gaccacccaa cctgaaagg gcttaggaag ttgaaaggcc 240
cagaggaggc ctccgggcaa atggccggag ctggaccgac catgctgcta cgagaagaga 300
atggctgttg cagtccggct cagagcagct ccagtctgg ggattcggac ggagagcgcg 360
aggactcggc ggctgagcgc gcccagacgc agctagaggc gctgctcaac aagactatgc 420
gcattcgcac gacagatgga cggacactgg tcggctgctt cctctgcaat gaccgtgact 480
50 gcaatgtcat cctgggctcg gcgcaggagt tctcaagcc gtcggattcc ttctctgccg 540
gggagccccg tgtgctgggc ctggccatgg taccgggaca ccacatcggt tccattgagg 600
tgcagagggg agtctgacc gggcctcctg atctctgacc acgatggcgc ttacctttca 660
gacttcatta aacttatgac cgaaaaaaaa aaaa 694

```

55

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1927 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

```

25  gcgagtattt attttttttt tttttttttt acagaaattg accttttattt gttgtactaa 60
    agcctgttta acttttgata caaagtaaca ttttagtaca gaaaatccca gtctgtcagc 120
    tcagtacctg tctgtgcaca ctgtaccatc tcagtcccac tctgcctgta acttagaaaa 180
    cagcccctac ccccagaggg tctgcgagtt aataccttga gaatagtcta cagtttttca 240
    tagtttgtct gagctagaaa acttgtacct gtaaaacaaa ggacagcatt gaggactgaa 300
    acttgctctt tttttgaaca actgtgcaag aaaatatatc cctttttaaa aaacatcagt 360
30  tatggctaaa ctacaatcta gtgtctagaa ttacaaagaa taaaatgaaa tcaaagattt 420
    ctcgctagta aaatgaaatg ttagggaacag tattaaaata taggtcctac cccaacgaca 480
    cttacacaga gcccagtaca gtacctatta ttaacaggac gcatagctta aggaggaaac 540
    acatcaaatc ttcagccaga catatctagc ctcagaagtg caaaaaaaaa aaaagcccc 600
    aaacgaagac acccactg agtaggggtgc atgccgtgag tgctgtaatc aagattaaaa 660
35  agacctcagt ttttcttttt agactgttga tagtgacaat aaccattatg cttcccctaa 720
    aagctctcaa ttcaatgtct gaaacatgaa tgttttcata tcaaaaagaa ctgatgtacc 780
    tgccaccctc taaaaagttt aagaattacc ctgcaaacat tgcactgatg aaggctgtca 840
    cgacttacag agcctaagga ggacccaatg gcaggcatca gcacagctga acaccactg 900
    gacccactg cagccctgcc cacgcagctc tcacggagca gacacagtcc tcaagtaata 960
40  agcacagatg gaggagaaac gagaggctgt ggaaggcagg agagaaaggc cgagagacga1020
    gtttgaaga atgccaagat caccttcccc attgtgggag gaaaatgcca aaggcactgg1080
    ttctgctgcc acaggcagtc tgagcacctg gagttgtgac gtccttccag gagagggtgcc1140
    accaagggagc aggaggtttg tcaaagctct ggtcccacca acaagaacct cccaaagcaa1200
    agcagccccc attgaggttc caaggctcgt ttgctgaaga cgggaacgaa accaacacca1260
45  aagcgacagg ggggtgacag aggggacagg ggctgggcac cggcaacatg gagccgttca1320
    agtaaacata aaccacaaaa tacttagaaa aggcttgtaa acgagtgatc cgaaagggttc1380
    tctttgcagc atctctgatc agctggctaa agaaagggtg gtgctgaacc cgtctttagt1440
    gttatctgtt ttgtgttaaa gcacacgtgt gacacgggca gagtgtgtgg gcctgggcct1500
    ggatcgacag cagccgtggc cctctgtcta caaaggaggt gcttctgggt cctggttccg1560
50  gatccttccc ccgcatgttc atagacgtac agacttctac tttcagtcgc tagaaaagag1620
    ctgagctcgg tgtcccctca ggccggccagc tgcagtcac cacagcacag cattctccta1680
    gagcgggcag gctggaatcc acaggacttt attttgttct tgattgacca ttgccaaagat1740
    ctgagtgcaa atgcttgaca gggctcctcc ctggatgacc cctgcaaaaag agccccccag1800
    acacgtcatt cagctcagag taagacccca ggtttgaggc aaggcagtac agcttgcaact1860
55  ctttctactg tgtggctgtc tgctttgtgc tccttggcac tctgtcccat cccacactga1920
    ctctcct

```

1927

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 672 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

```

25 gcctttttat tttttttttt tggctggtat gctgcattta ttatgagaat caacagtcaa 60
   cagttaatga ttgactaact cttgttggtc actctggaca ttaacgaaaa agactggaat120
   agggctacag cgctgctttt atgctacacg gggtatgctt ggactctgac tcccagcagc180
   aggtagattc aggaattcat ggcagtgaca ttcacatca tgggaaacac cttccctttt240
   cttcaggatt ctctgtagtg gaagagagca cccagtgttg ggctgaaaac atctgaaagt300
30 agggagaaga acctaaaata atcagtatct cagagggctc taaggtgccca agaagtctca360
   ctggacattt aagtgccaac aaaggcatac ttctggaatc gccaaagtcaa aactttctaa420
   cttctgtctc tctcagagac aagtggagact caagagtcta ctgctttagt ggcaactaca480
   gaaaactggg gttacccaga aaaacaggag caattagaaa tggttccaat atttcaaagc540
   tccgcaaaca ggatgtgctt tcctttgccc atttagggtt tcttctcttt cctttctctt600
35 tgtttagtct tcgttctctt tttcagtttc catcagatct cccctcgtg ccactggaat660
   ctcagaggtt gc
                                     672

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 269 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

10 ccgcaccta gccgccgact cacacaaggc aggtgggtga ggaaatccag agttgccatg 60
gagaaaattc cagtgtcagc attcttgccg cttgtggcgc tctcctacaa tctggccagg120
gatagcacag tcaaacctgg agccaaaaag gacaggaagg agtctcgagc caaactgcgc180
cagaccctct ccagaagtgg ggtgaacaa ctcatctgga ctcagacgta tgaagaagct240
ctatataaat cgagactagc aactaacc 269

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 604 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

40 tgcgagggcg ggatagctgt ccaaggtctc cccagcact gaggagctcg cctgctgccc 60
tcttgccgcg ggaagcagc accaagttca cggccaacgc cttggcacta aggtccagaa120
tggctacaac agtccctgat ggttgccgca atggcctgaa atccaagtac cacagacatt180
gtgataaggc tgaagcttgg ggcacgtgcc tagaaacggt ggccacagcc ggggttgtga240
cctcggtggc cttcatgctc actctcccga tctctgtctg caaggtgcag gactccaaca300
ggcgaaaaat gctgcctact cagtttctct tctcctggg tgtgttggc atctttggcc360
45 tcaccttcgc cttcatcctc ggactggacg ggagcacagg gccacacgc ttcttctct420
ttgggatcct cttttccatc tcttctctc gctgtctggc tcatgtctgc agtctgacca480
agctcgctcg ggggaggaag cccctttccc ggttggtgat tctgggtctg gccgtgggct540
tcagcctagt ccaggatgtt atcgctattg aatatattgt cctgacgatg aataggacca600
aggt 604

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

ctttaatgtg cctagagcaa tggaaatggg cactttgggg gcggtggaat tcaagacgct 60
 ctggctgaag attcagaagt atctggtaac tctcttttcc ttctgggcat cctctcctct 120
 gttctaatacc tcccttacac tcattcctgg tccattgtat tctgaccaca tccttaataca 180
 25 tgggtcaaaac tattgagtc tgggcacatt ggtcatgaag gaacaagaag gcaatgagag 240
 actctcatgc caaccactgc cctgaaagcc ctgctgttca gacagcaaag gggccagcac 300
 tggccaagct cttatgcttg ctctgaaacc ttcttgggag gagtcaatag ggtctccttt 360
 tgaaagtgtc cctggccttt tgagaaagca gtgtgggtgga gggagatggt tctggcaggg 420
 gccgtgaatg gttgttttct acttgggatt tctttcctgc tttaggagat ctattgggaa 480
 30 actgattata accactcggg caccatcgat gccacgaga tgaggacagc cctcaggaag 540
 gcaggtttca ccctcaacag ccagggtcag cagaccattg ccctgcggtg tgcgtgcagc 600
 aagcttgga tcaacttga cagcttcgtg gcttgatga tccgcctgga gacctcttc 660
 aaactattca gccttctgga cgaagacaag gatggcatgg ttcagctctc tctggccgag 720
 35 tggctgtgct gcgtgttggg ctgacccgcc aaacttgacc tagaagatgg ggggggcctc 780
 c 781

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 304 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

5 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

i) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

10 ggccactgcg gcgagacgcg aggaactgtc gctcgtactc gtgcgcctcg ctttgctttt 60
 cctccgcaac catgtctgac aaaccgata tggctgagat cgagaaattc gataagtcca 120
 aactgaagaa gacagagacg caagagaaaa atccactgdc tccaaagaa adgattgaac 180
 aggagaagca agcaggcgaa tcgtaaggag gcgtgcgccg ccaagtatgc actgagatgc 240
 gagaagtgtt gcgtcgaatt tacctgcttg agggggtaaa gttgggaagg tggaaaaggg 300
 gtgg 304

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1528 Basenpaare

20 (B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

40 aattcggatc catgggccac agtggatggc ttgaaatgtg gctgagcgct tcggacactt 60
 cggatccatg gtggccaccc caagacgcgc cccagcccgc catggcccgg atcctccggg 120
 atcctgcctt ctgtccctgc tccctggccg gtttgttccg ccgggcccgg gacaagagaa 180
 gtctaagaca gactgccatg gcggtatgag tggtagcatc tacgagtatg gagccctcac 240
 catcgatggg gaggaataca ttctttttaa gcagtatgca ggcaaatata tctctttgt 300
 45 caacgtagcc agctactgag gtctgacaga ccaatacctt gaactgaatg cactacaaga 360
 agaacttggg ccatttggct tggtcattct gggcttccct tccaaccaat ttggcaaaaca 420
 ggagccaggc gagaactcgg agatactccc cagtctcaag tatgttcgac caggtggggg 480
 ctttgtgcct aatttccagc tctttgagaa aggagatgtg aacggggaga aagagcagaa 540
 attctacact ttcttgaaga actcctgccc tcccactgca gaactcctgg gctcacctgg 600
 50 ccgcctcttt tgggaacca tgaagatcca tgacatccgc tggaaactttg agaagtccct 660
 ggtggggcca gatggcatac cggttatgcg ctggtaccac cggaccacag tcagcaacgt 720
 caagatggac atcctgtctt acatgaggcg gcaggcagcc ctgagcgcca gggggaagta 780
 actgatgccc ccaccctacc cctacccctt gccatcatg caagggccga ggaggggctc 840
 ttcaggaagg aagccacatt cccagtcatt ctacccccac cccagattct ctttcttatt 900
 55 acataaaaga caagcctggc acaactgtgt gtctgaacca ctgtggacac gtgacaattg 960

tcccagtggtg tgcattggcta cacagccacg tatctgcctg cttgaaaccc agggatgggtc1020
 catctgtgtt tacggcttgg cacaacaccc tcatattttt ttcagctttc tgttccaaat1080
 gagcccaaag gaaacacaag ttctaggtcc aatggttctg ctcaaacctg aacatcattc1140
 5 ttggggccag catctcccac atgccacac tacacaccac cagcctcctt ctctcttctc1200
 gaaggacctt cctgagcccc caagccatc ccacagtgt cctgagacca gccaaagaca1260
 ctgtgagcgc gatggccgtg taccacaggt caggggtgtg gtctctatga agggggggcc1320
 cgaagccctt gtggcgggc ctcccctgag cccgtctgtg gtgccagccc ttagtgattt1380
 caggcttagg ctcccaggca gggacactac ccccgcgct ctggaggaca tgctatctc1440
 10 tcactctgtc cactggtatc tcaacacccc catctgcccc gtaaaggctt ttctgcagca1500
 aaaaaaaaaa agaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1528

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

- 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 499 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

35 ggcaggtctc agcgtctctc cccctgctcc gctcctctgc agggcccagg cgcccttggc 60
 cttaggaccc aacttctctt accgccatgg agttcgacct gggagcagcc ctggagccca120
 cctcccagaa gcccgggtgtg gggcggggac acggggggaga tcccaagctc agtccccaca180
 aagttcaggg ccggtcggag gcaggggagc gtccgggtcc aaagcaagga caccacagct240
 40 cttccgactc cagcagcagc tccagcgatt cggacacgga tgtgaagtcc cagctgtctg300
 gctccaagca gcacgagagc atcccgggca aggccaaaga gcccaaagtg aagaagaagg360
 agaagggcaa gaaggagaag ggcaagaaga aggaggctcc ccaactgaagg gccctggaca420
 gggctcatta aaccttctct tctgcctacg agtaccaacc acctggagct aagatgctta480
 ggtggggggg ggccgcccga 499

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1396 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

15

```

gggcacccgt tagttgggaa cagcggaacg ctggtcccgg ggactgagta aggtgtctgg 60
atcggaggga ggttcgggtg ggcacggtgc ggctggaaga gctcgactcg tcccgtggg 120
aaagcgcgag tctgagtggg accctggacg acttgacagag cggctggcgc agtcattggc 180
gactactgga agtcacagcc aaagaaattc tgtgattact gcaagtgtcg gatagcagac 240
20 aataggccta gtgttgaatt tcatgaaaga ggaaagaatc ataaggaaaa tgtggcaaaa 300
aggatcagtg agattaaaca gaaaagcctg gataaggcaa aggaagaaga aaaggcatca 360
aaggagtgtg ctgcaatgga ggcagctgcc ctgaaagcat accaagagga tttgatanga 420
cttggtcttag agtcagaaat tttggagcca agcataacac cagtaaccag cactatccaa 480
cctacctcga catcaaatca acagaaagaa aagaaagaga agaagaaaaa aagatccttc 540
25 aaagggcaga tgggtagaag gcataacctc tgagggttac cattactatt atgatcttat 600
ctcaggagca tctcagtggg agaaacctga aggatttcaa ggagacttaa aaaagacagc 660
agtgaagacc gtttgggtag aagggtttaag tgaagatggg tttacctatt actataatac 720
agaaacagga gaatccagat gggagaaacc tgatgatttc attccacaca ctagtgatct 780
gccttctagt aaggtcaatg aaaattcact tggcacccta gatgaatcca aatcatcaga 840
30 ttcgcatagt gattctgatg gggaaacagga agcagaagaa ggaggggtct ctacagagac 900
agaaaagcca aaaataaagt ttaaggaaaa aaataaaaaat agtgatggag gaagtgaccc 960
agaaacacag aaagaaaaaa gtattcagaa acagaattca ttaggttcaa atgaagaaaa 1020
atcgaaaact ctttaagaaat caaacccata tggagaatgg caagaaatta aacaagaggt 1080
tgagtctcat gaggaggtag atttggaact tccaagcact gaaaatgagt atgtatcaac 1140
35 ttcagaagct gatggtggcg gagaacccaa agtgggtattt aaagaaaaaa cagtcacttc 1200
tcttgaggtt atggcagatg gagtggcccc agtcttcaaa aagagaagaa cttgaaaatg 1260
ggaaaatctt aggaaaaattt aagggcaacg aggtgatgat ccaatagttt gcagggagag 1320
ctttttgttt acatgctttt tagggaccag aatggggaga ctttttgcca ccccccaagt 1380
ttgtcccgtg ttttgt 1396

```

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 808 Basenpaare

45

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

10 cctctgtcca ctgctttcgt gaagacaaga tgaagttcac aattgtcttt gctggacttc 60
ttggagtctt tctagctcct gccctagcta actataatat caacgtcaat gatgacaaca 120
acaatgctgg aagtgggcag cagtcagtga gtgtcaacaa tgaacacaat gtggccaatg 180
ttgacaataa caacggatgg gactcctgga attccatctg ggattatgga aatggctttg 240
ctgcaaccag actctttcaa aagaagacat gcattgtgca caaatgaac aaggaagtca 300
15 tgcctcccat tcaatccctt gatgcactgg tcaaggaaaa gaagcttcag ggtaagggac 360
caggaggacc acctcccaag ggcctgatgt actcagtcaa cccaaacaaa gtcgatgacc 420
tgagcaagtt cggaaaaaac attgcaaaaca tgtgtcgtgg gattccaaca tacatggctg 480
aggagatgca agaggcaagc ctgttttttt actcaggaac gtgctacacg accagtgtac 540
tatggattgt ggacatttcc ttctgtggag acacgggtgga gaactaaaca attttttaaa 600
20 gccactatgg atttagtcat ctgaatatgc tgtgcagaaa aaatatgggc tccagtgggt 660
tttaccatgt cattctgaaa tttttctcta ctagtattgt ttgatttctt taagtttcaa 720
taaaatcatt tagcattgaa acggagaact ctgcgggcta gtaccacaa ggtacggagc 780
aaagatcacc caggtgggaa gaggtgga 808

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1139 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

50 tttttttttt tttttttttt ttttttgcag caatacctcc tttatttgat cctgttttat 60
gtccacatat gtactgtatt atcacagatg caactgattt atcatagagc actcagaaaa 120
catggaaaag tttttttaa aatcgaataa tcctattcaa gtcaaccagt gttaaccccg 180
gtgtgcttcc tgccagtctg ttcctcccca tgggagtcac acaaatgaa aatctcctag 240
aaagagaaat tcctctgtcc tctgacttct tcacttagta cgctgcgacc ttcccatggt 300
gttcaacatc ctcaactcgg agcgtcactg gctggagggt gtctataaat ggaattggct 360

```

taactatctc tteactgaaa ggtggacatt tagggagtgt ccagttttca gctgtcataa 420
acaactgcct tagacggcaa agaattcaca ggtcaatcgt tcccttcgct ttgaacttct 480
tcgcagaccg ttcaacttgac cgaagctgga atttgctccc gtaaatgtag gaaataaagc 540
catcggtttc cacagtgaac acgcagttta gcttggggat aactttcagg cggtcttctt 600
5 tgggtgataat ttgaaaatg tgctttgttt cctgtagaag gattcctgta ataccacat 660
aagaggggca ttgggatttt gtcactgaaa taatagcccc gtgaagatct gcctttaaga 720
gcttggcctg aatcatctgt ggctgcgtgt ctggcttgag cccactgcac aggtccctga 780
tgtactgttt ccagagttca tggagaggga ggaaaaggct gtatctctgc tgctctggtt 840
10 taatgtcaaa gagccgcagc tccctccttt gcctggcaga gaagcctttg gctttcttct 900
tcttctcctt gcgcttggtg cgggtgaagt actccaggac caccgccttg cgctgcagct 960
ggctcctcgc ggctgcggg ctcatgcggg gcgtctgcgc ttcaggaagg ccctcacgaa1020
ggcctcggcc cgctgtgctc ctgaaggctg gacatcggag tcattcgcct ctttctgaga1080
caatgcatgg tagatcacac tcttcattct cggaccgctt ccggtgctct ctgatgacg 1139

```

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2177 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

```

gcccacgcgt ccggtcgccg ccggcagcga acagcagcag cagtcagcct tcattcagga 60
40 aagacagcca gttgctctca tgcgtttatt gtctttcaat gtgcctcata ttaaaacag 120
cacaggagaa ccaatatgga aggtactcat ttatgacaga tttggccaag atataatctc 180
tctctgcta tctgtgaagg agctaagaga catgggaatc actctgcatc tgcttttaca 240
ctctgatcga gatcctattc cagatgttcc tgcagtatac tttgtaatgc caactgaaga 300
aaatattgac agaatgtgcc aggatcttcg aaatcaacta tatgaatcat attattttaa 360
45 ttttatttct gctatttcaa gaagtaaaact ggaagatatt gcaaatgcag cgtagcagc 420
tagtcagta acacaagtag ccaagggttt tgaccaatat ctcaatttta ttactttgga 480
agatgatatg tttgtattat gtaatcaaaa taaggagctt gtttcatatc gtgccattaa 540
caggccagat atcacagaca cggaaatgga aactgttatg gacactatag ttgacagcct 600
cttctgcttt tttgttactc tgggtgctgt tcctataatc agatgttcaa gaggaacagc 660
50 agcagaaatg gtacgagtga aactagacaa gaaacttcca gaaaatctaa gagatgcaag 720
aaacagtcct ttacagggtg atacacttgg agctggccaa ttcagcttcc agaggcctt 780
attagtcctt gttgacagaa acatagattt ggcaactcct ttacatcata cttggacata 840
tcaagcattg gtgcacgatg tactggattt ccattttaaag agggtaatt tggaagaatc 900
ttcaggagtg gaaaactctc cagctgggtgc tagaccaaaag agaaaaaaca agaagtctta 960
55 tgatttaact ccggttgata aattttggca aaaacataaa ggaagtccat tcccagaagt1020
tgcagaatca gttcagcaag aactagaatc ttacagagca caggaagatg aggtcaaacg1080

```

```

acttaaaagc attatgggac tagaagggga agatgaagga gccataagta tgctttctgall140
caataccgct aagctaacat cagctgttag ttctttgcca gaactccttg agaaaaaaag1200
acttattgat ctccatacaa atgttgccac tgctgtttta gaacatataa aggcaagaaa1260
attggatgta ttttttgaat atgaagaaaa aataatgagc aaaactactc tggataaatc1320
5 tcttctagat ataatacag accctgatgc aggaactcca gaagataaaa tgagggtgtt1380
tcttctctat tatataagca cacagcaagc accttctgag gctgatttgg agcaatataa1440
aaaagcttta actgatgcag gatgcaacct taatccttta caatatatca aacagtggaa1500
ggcttttacc aagatggcct cagctccggc cagctatggc agcactacca ctaaaccaat1560
gggtctttta tcacgagtca tgaatacagg atcacagttt gtgatggaag gagtgaagaa1620
10 cctggttttg aaacagcaaa atctacctgt tactcgtatt ttggacaatc ttatggagat1680
gaagtcaaac ccgaaactg atgactatag atattttgat cccaaaatgc tgcggggcaa1740
tgacagctca gttcccagaa ataaaaatcc attccaagag gccattgttt ttgtgggtgg1800
aggaggcaac tacattgaat atcagaatct tgttgactac ataaagggga aacaaggcaa1860
acacatttta tatggctgca gtgagctttt taatgctaca cagttcataa aacagttgtc1920
15 acaacttggg caaaagtaac acagaagaac cttactatga taatctactt ggaatgtgga1980
taaattgtaa aagaagaaaa gttagaagag caatatgttt ccttctctgt aacagtgtcc2040
taacagtgaa aatcagagtt atttgttaat ttttaaggaa attatatact taatatgtat2100
tgattaaaag aaacatttca gaaataaaat ttcaacattg taaaaaaaaa gtcggctacc2160
tacacggata atatcgc
20
2177

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 25 (A) LÄNGE: 402 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

45

```

ggcgcaggcc ccagccagct caggctacac tatcccagga tcagcatggc cgtccgccag 60
tggttaaatc ccctggcctt ggctgcccct cttgttgttg acagggaagt gccagtggca120
gcaggaaagc tccctttctc aagaatgccc atctgtgaac acatggtaga gtctccaacc180
tgttcccaga tgtccaacct ggtctgcccgc actgatgggc tcacatatac gaatgaatgc240
50 cagctctgct tggccggat aaaaaccaa caggacatcc agatcatgaa agatggcaaa300
tgctgatccc acaggagcac ctcaagccat gaagtgtcag ctggagaaca gtggtgggca360
tgagaggat atgacatgaa ataaaagatc cagcccaact ga
402

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1349 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

```

cttcttttgc catcccatTT ccttggaact gcaccatttc cccaattatt ggccaatccc 60
taggctttct gggttttaca atggttgcga ccacaatcag gctcatagat ggctccaatt 120
taaaaaaaaaa ggtaatgggtg atggataaaa taagcagatc aagggaagtg tgctatcata 180
aaataactgt agcttcaaca tcttgagtac cagtttcctg gcagatagta aacatccaat 240
cacaagggat ttttcctgaa ggggtgtaaag ctgggttgaa aattcttcag tcacagagca 300
gcctacacat gccaattaga aactgacaga cactagatgt gcttggaaga ttaaactacta 360
cgtacagaaa cagcagttac taagctcctc agtagtttct tgtctttttt aagtttcgct 420
gaatcgacag tttgcacaac gtgctatatt ctgtgggtca aaaccaagta aatactgtgt 480
aaagtgggca gatttttcca gctaagatca agaaaaaaca aattttctga taaaacagg 540
ttagagtcag aaacactctc taaagtgcga aactgatggt ccacgatctc aaatagctaa 600
aactcctgca gaatggaagg gagagacgtg aaacagggaa ataaattaca gtcagtgtct 660
gttaatttag gaaaaggga aaataaacca aactcaagtc ggtaaagttt atcaaaatat 720
tcaatgatgt agctttcccc actctctgtc acacacgctt gctaacaagt atattaaatt 780
aaggccaaat ttaacctgaa tgcgtttttt tttttctttt tattaagatc tgagatagga 840
acggtcatac ttagtactga aaggcagaca ataaaaatggg ccatgaaagg ggggggaaag 900
gtactgtcta ttgttcgagg gattcaacca gagataaaac ctatatacaa gcatgtgtgt 960
agctcgaaat aaaaataaaa ggactatttc atgtcatgac tgcttgttgg ctctctcttc 1020
atatgcattc cctgtgccat tctgtacata ggatgaacca gaaccaaggc catacaaatg 1080
accacaatat ttggcatcat caatatgatc ttcaaagaac atttctctca ttttgaaaaa 1140
ggccattcct gtgagcaatg aatcagatcc tgcctgatgt tgtgttccca tccgttccag 1200
ctctaactgt tctgccacct cctgtaatcc acctttgaga ttttcctgt catttatgat 1260
gtgaagtacc tcatgaagag ctgcaaaaat ctctaactgt tctgccacct cctgtaattg 1320
cgagtcagtg attgacgaaa taatagtgc
1349

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3552 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

15

atttaattctt cattcttcta ctatcccaa tcctaatttc aatatcaaac ctaattaaac 60
acatcaactt cccactgtac accaccacat caatcaaatt ctcttcatt attagcctct 120
tacccctatt aatatttttc cacaataata tagaatatat aattacaacc tggcactgag 180
tcaccataaa ttcaatagaa cttaaaataa gcttcaaac tgactttttc tctatcctgt 240
20 ttacatctgt agcccttttt gtcacatgat caattatata attctcttca tgatatatac 300
actcagacc aaacatcaat cgattcatta aatatcttac actattcctg attaccatgc 360
ttatcctcac ctacagcaac aacatatttc aacttttcat tggctgagaa ggggtgggaa 420
ttatatcttt cctactaatt ggatgatggg acggacgaac agacgcaaat actgcagccc 480
tacaagcaat cctctataac cgcacggag acatcggatt catttttagct atagtttgat 540
25 tttccctaaa cataaactca tgagaacttc aacagattat attctccaac aacaacgaca 600
atctaattcc acttataggc ctattaatcg cagctacagg aaaatcagca caatttggcc 660
tccaccatg actaccatca gcaatagaag gccctacacc agtttcagca ctactacact 720
caagtacaat agtagttgca ggaattttcc tactggtccg attccacccc ctacagacta 780
ataataactt tattttaaca actatacttt gcctcggagc ctaaccaca ttatttacag 840
30 ctatttgtgc tctcacccaa aacgacatca aaaaaatcat tgcttctct acatcaagcc 900
aactaggcct gataatagtg acgtaggaa taaaccaacc acacctagca ttcctacaca 960
tctgtacca cgcattcttc aaagctatac tctttatatg ctctggctca atcattcata 1020
gcctggcaga cgaacaagac atccgaaaaa taggaaacat cacaaaaatc ataccattcal 1080
catcatcatg cctagtaatc ggaagcctcg ccctcacagg aataccattc ctaacaggggt 1140
35 tctactcaaa agacctaatt attgaagcaa ttaatacctg caacaccaac gcctgagccc 1200
tactaattac actaatcgcc acttctataa cagctatgta cagcatacga atcatttact 1260
tcgtacaat aacaaaaccg cgttttccc ccctaattct cattaacgaa aatgaccag 1320
acctcataaa ccaatcaaa cgcctagcat tcggaagcat ctttgcagga tttgtcatct 1380
catataatat tccaccaacc agcattccag tcctcacaat accatgattt ttaaaaaacc 1440
40 cagccctaatt tatttcagta ttaggattcc taatgcact agaactaaac aacctaaacc 1500
taaaactatc aataaataaa gcaaatccat attcatcctt ctcaacttta ctggggtttt 1560
tcccactctat tattcacgcg attacacca taaaatctct caacctaaag ctaaaaaac 1620
ccctaactct cctagacttg atctggtag aaaaaaccat cccaaaatcc acctcaactc 1680
ttcacacaaa cataaccact ttaacaacca accaaaaag cttaattaaa ttgtacttta 1740
45 tatcattcct aattaacatc atcttaatta ttatcttata ctcaattaat ctcgagta 1800
ctcgataata ataaaaatac ccgcaaaaca agatcaccca gctactacca tcattcaagt 1860
agcacaaacta tatattgccc ctaccccaat ccctccttcc aacataactc caacatcat 1920
aacctcatc atcaaccaat ctcccaaac atcaagatta attactcaa cttcatcata 1980
ataatttagc acacaaatta aaaaaacct tataatcacc cccaatacta aaaaacccaa 2040
50 aattaatcag ttagatcccc aagtctctg atattcctca gtagctatag cagtcgtata 2100
tccaaacaca accaaccatc ccctaaata aattaaaaaa actattaaac ctaaaaacga 2160
tccaccaaac cctaaaacca ttaacaacc aacaaacca ctaacaatta aacctaaacc 2220
tccataaata ggtgaaggct ttaatgctaa ccaagacaa caacccaaa ataatgaact 2280
taaaacaaaa atataattat tcattatttc tacacagcat tcaactgcga ccaatgacat 2340
55 gaaaaatcat cgttgaatt caactacaga aacaccattc ggatccatga aaaacacacc 2400
cattatttaa aattattaac cactcattca ttgacctacc tgccccatcc aacatttcat 2460
catgatgaaa ctttgggtcc cttctaggag tctgccta atgtccaaatc attacaggtc 2520
ttttcttagc catacactac acatcagata caataacagc cttttcatca gtaacacaca 2580
tttgtcgaga cgtaaattac gggtgactaa tccgatatat acacgcaaac ggaagcctca 2640

```

tatttttttat ttgcttattc cttcatgtcg gacgaggett atattatgga teatataeat2700
ttatagaaac ctgaaacatt ggagtacttc tactgttcgc agtcatagcc acagcattta2760
taggctaegt ccttccatga ggacaaatat cattctgagg tgccacagtt attacaaacc2820
tcctatcagc catcccatat attggaacaa ccctagtcca atgaatttga gggggcttct2880
5 cagtagacaa agccaccttg acccgattct tcgctttcca cttcatctta ccatttatta2940
tcgcggccct agcaatcggt cactcctctt tcctccacga aacaggatca aacaacccaa3000
caggattaaa ctcatagca gataaaattc catttcaccc ctactataca atcaaagata3060
tcctagggtat cctaatacata ttcttaattc tcataaccct agtattattt ttcccagaca3120
tactaggaga cccagacaac tacataccag ctaatccact aaacacccca ccccatatta3180
10 aaccggaatg atatttcccta ttgtcatagc ccattctacg ctcaatcccc aataaactag3240
gaggtgtcct agccttaatc ttatctatcc taatttttagc cctaataacct ttcttcata3300
cctcaaagca acgaagccta atattccgcc caatcacaca aattttgtac tgaatcctag3360
tagccaacct acttatctta acctgaattg ggggcccaacc agtagaacac ccatttatta3420
tcattggcca actagcctcc atctcatact tctcaatcat cttaattctt ataccaatct3480
15 caggaattat cgaagacaaa atactaaaat tatatccata aaaaaaaac acgatcggtt3540
gacatatagg gc
3552

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 601 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

tttttttttt tttttttttt tgcaattcaa atgaacgttt atttcttaaa cccacacaga 60
gcaagggcag agcttagaga tgctggcac agcatttctc atccaggatc acttctctgt120
tctttcttct ttgtgggag catcttagat ttatatcatt ttctacaaag acaatatcct180
45 gaatggcagt cgcagggtta ttcaaagt ggagtcttct caggaagtag gggagactgg240
attcccagct aatggaattt tcaactgtgat gtctgtgttc tcagtgaatt cttccagaaa300
gccggaggag actgtctcaa catcagtaga gaactcagaa ttctgtttgt ttgcggctgg360
cgtgaagtcc atgatctgct cagagtcagt gcttaaatca tcactctgtat aatcctctag420
aggagctttt gtccctctgt atgatcccag ttggtcaaag actgagtta gtaggtcaat480
50 gattgaattc tgtagttctt tattgattga aactaattct gacaggggga aagccacagt540
cagaccacag aagacagtga tcaccaggac cttgaaaagc atcatgcttt agtagggtta600
a
601

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2147 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```
25 agaaggggaa caaaaaaaaa aatatctgaa ttttgaaaaa ccacaaagct acaacactga 60
ccctctcttt tttttgagac ggagttttgc tcttgttacc caggctggag tgcagtggcg 120
tgatctttggc tcactgcaac ttcggtctcc cgggttcaag tgattctcct gcctcagcct 180
cccaagtagc tgggtttata ggtgcccgcc accagaccg gctaattttt tagttttagt 240
agagacgggg tttcaccacg ttggccaggc tgggtctaaa tgaccctctt atttttaact 300
tggtatccct ctattctgcc aaaagacaat ttctagagta gttttgaatg ggttgatttc 360
30 cccactctcc acaaaactctg aagccagtgt ctactgtact aaaaaaagag ttgtatataa 420
tatttaagat gctgagtatt tcataggaaa gctgaatgct gctgtaaagt gctctttaag 480
tctttttttt ttttaatccc cttctaata gaataaactag ggggaatttca ggggacagag 540
atgggatttg ttgtatgata aactgtatgt agtttttagt ctttctgttt tgagaagcag 600
35 tgggtggggc atttttaaga tggctggcta ctcttggttt ccctcatgat aataaatttg 660
tcataactca gtaacatgaa ctgccccta gaggtagttg ttaataattt tgaaatatta 720
aggtcttgcc aagcttctga tgattcacac ctgtactact gattattaag caggacagac 780
tgagctttct gttgcaaata ccttgaggga gaaagtaatt tctaaatata cagagaggta 840
acttgactat atatgttgca tctgtgcct ccctcatat taatatttga taaagatttt 900
aatttatgta aaacttctaa agcagaatca aagtcctct tggggaaatg gcaagtcttt 960
40 aggataggca agaccctgta tgaatagtag caaagcatta ccgcatggta gagaacacac 1020
tcgattaaaa atgttaagct atctgaaaaa taaaatgtgc aagtcttcag gatggcacaa 1080
aacaaggtt aatgcttctt ggggcacatt tcttagaggg cttgctgagt gtgtaaatat 1140
aatcgacttt tgtttgtgtt acatgacttc tgtgacttca ttgaaaatct gcacaattca 1200
45 gtttcagctc tggattactt cagttgacct ttgtgaaggt ttttatctgt gtagaatggg 1260
tgtttgactt gttttagcct attaaatttt tattttcttt cactctgtat taaaagtaaa 1320
acttactaaa agaaaagagg tttgtgttca cattaaatgg ttttggtttg gcttctttta 1380
gtcaggcttt ctgaacattg agatattctg aacttagagc tcttcaatcc taagattttc 1440
atgaaaagcc tctcacttga acccaaacca gagtactctt actgcctctt ttctaatagt 1500
50 tcaggaaaag cattgccagt tcagttcttt caaaatgagg gagaaacatt tgcctgcctt 1560
gtaataacaa gactcagtgc ttatttttta aactgcattt taaaaatttg atagtataat 1620
aacaataagg agtaagccac cttttatagg caccctgtag ttttatagtt cttaacttaa 1680
acattttata tttccttctt ttggaaaaaa cctacatgct acaagccacc atatgcacag 1740
actatacagt gagttgagtt ggctctccca cagtctttga ggtgaattac aaaagtccag 1800
55 ccattatcat cctcctgagt tatttgaaat gatttttttt gtacattttg gctgcagtat 1860
tggtggtaga atatactata atatggatca tctctacttc tgtatttatt tatttattac 1920
tagacctcaa ccacagtctt ctttttcccc ttccacctct ctttgctgtg aggatgtact 1980
gtatgtagtc atgcactttg tattaatata ttagaatctt acagatctgt tttgtacttt 2040
```


ttatactgtt ggatacttat aatcaaaaact ttactaggg tattgaataa atctagtctt2100
 actagaaaat aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa ctcaagacta gttctct 2147

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 623 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

30 cccacgcgtc cccggaaacg gcggcggcgg cgacaggacc gaggggcctt agttggtggg 60
 caagtccggg atcccagaaa gagaagcgtg acccggaagc ggaaacgggt gtccgtccca120
 gctccggcct gccagtgcgc ttctaccatc atggacctat tggtcgggcg ccggaagacg180
 ccagaggagc tactgcccga gaaccagagg gccctgaacc gtgccatgcg ggagctggac240
 cgcgagcgcac agaaactaga gaccagagg aagaaaatca ttgcagacat taagaagatg300
 gccaagcaag gccagatgga tgctgttcgc atcatggcaa aagacttggt gcgcacccgg360
 35 cgctatgtgc gcaagtttgt attgatgcgg gccaacatcc aggctgtgtc cctcaagatc420
 cagacactca agtccaacaa ctcatggcga caagccatga aggtgtcac caaggccatg480
 ggcacatga acagacagct gaagttgcc cagatccaga agatcatgat ggagtttgag540
 cggcaggcag agatcatgga tatgaaggag gagaggattg aattgttgca tttgatgatc600
 ccgtgggttt tggggaagtt tta 623

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 781 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

```

gcgggtatat tgcaagcttg aaaaactaaa agatctgtga aagatgctgc caagaagggc 60
cagaaggatg tctgcatagt tctggccaag gagatgatca ggtcaaggaa ggctgtgagc 120
aagctgtatg catccaaagc acacatgaac tcagtgtctca tggggatgaa gaaccagctc 180
15 gcggtcttgc gagtggcttg ttccctgcag aagagcacag aagtgtatgaa ggccatgcaa 240
agtcttgtga agattccaga gattcaggcc accatgaggg agttgtccaa agaaatgatg 300
aaggctggga tcatagagga gatgttagag gacacttttg aaagcatgga cgatcaggaa 360
gaaatggagg aagaagcaga aatggaaatt gacagaattc tctttgaaat tacagcaggg 420
gccttgggca aagcaccag taaagtgaact gatgcccttc cagagccaga acctccagga 480
20 gcgatggctg cctcagagga tgagggggag, gaggaagagg ctctggaggc catgcagtc 540
cggtggcca cactccgcag ctaggggctg cctaccccgc tgggtgtgca cacactcctc 600
tcaagagctg ccattttatg tgtctcttgc actacacctc tgttgtgagg actaccattt 660
tggaagaagg tctgtttgtc tcttttcatt ctctgccag gttttgggat cgaaaggga 720
25 ttgttcttat aaaagtggca taaataaatg catcattttt aggaaaaaaa aaaaaaaaaa 780
a

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30 (A) LÄNGE: 1714 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48:

```

gttgcgacat gcagtgcgcc ggaggaactg tgetctttga ggccgacgct aggggcccg 60
aagggaact gcgaggcgaa ggtgaccggg gaccgagcat ttcagatctg ctcggtagac 120
ctggtgcacc accaccatgt tggctgcaag gctgggtgtg ctccggacac taccttctag 180
ggttttccac ccagctttca ccaaggcctc ccctgttgtg aagaattcca tcacgaagaa 240

```

```

tcaatggctg ttaaacctta gcagggaata tgccacaaaa acaagaattg ggatccggcg 300
tgggagaact ggccaagaac tcaaaagaggc agcattggaa ccatcgatgg aaaaaatatt 360
taaaattgat cagatgggaa gatggtttgt tgcctggagg gctgctgttg gtcttggagc 420
attgtgctac tatggttgg gactgtctaa tgagattgga gctattgaaa aggctgtaat 480
5 ttggcctcag tatgtcaagg atagaattca ttccacctat atgtacttag caggaggtat 540
tggtttaaca gctttgtctg ccatagcaat cagcagaacg cctgttctca tgaacttcat 600
gatgagaggc tcttgggtga caattggtgt gacctttgca gccatgggtg gagctggaat 660
gctgggtacga tcaataccat atgaccagag ccaggccca aagcatcttg cttggttgct 720
acattctggt gtgatgggtg cagtgggtgc tctctgaca atattagggg gtctcttct 780
10 catcagagct gcatggtaca cagctggcat tgtggaggc ctctccactg tggccatgtg 840
tgcccccagt gaaaagtctc tgaacatggg tgccccctg ggagtgggac tgggtctcgt 900
ctttgtgtcc tcattgggat ctatgtttct tccacctapc accgtggctg gtgccactct 960
ttactcagtg gcaatgtacg gtggattagt tcttttcagc atgttccttc tgtatgatac 1020
ccagaaagta atcaagcgtg cagaagtatc accaatgtat ggagttcaaa aatatgatcc 1080
15 cattaactcg atgctgagta tctacatgga tacattaaat atatttatgc gagttgcaac 1140
tatgctggca actggaggca acagaaagaa atgaagtac tcagcttctg gcttctctgc 1200
tacatcaaat atcttgttta atggggcaga tatgcattaa atagtttgta caagcagctt 1260
tcgttgaagt ttagaagata agaaacatgt catcatattt aaatgttccg gtaatgtgat 1320
gcctcaggtc tgcctttttt tctggagaat aaatgcagta atcctctccc aaataagcac 1380
20 acacattttc aattctcatg tttgagtgat tttaaaatgt tttggtgaat gtgaaaacta 1440
aagtttgtgt catgagaatg taagtctttt tctacttta aaatttagta ggttcaactga 1500
gtaactaaaa tttagcaaac ctgtgtttgc atattttttt ggagtgcaga atattgtaat 1560
taatgtcata agtgatttgg agctttggta aagggaccag agagaaggag tcacctgcag 1620
tcttttgttt ttttaaatat ttaggaactt agcacctggg gttatttgga ttaggtgagg 1680
25 gagccccgta ggaacagccg ggtattgggg aaca 1714

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 831 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

- 45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49:

```

50 cccccccagc ccctgctctg aggcaccgag aaacgaggag gcccggtggc agtctccacg 60
tgggtaccgg cgctctcggc gcccgtagcc acccgcccgcc cggaagccga catctcgagt 120
tctggcagaa gcaatttgcg cggcgaggag cggacgggca ggaacccaat aagctgcttc 180
gcctcggagc tgaagcccggt actcaagatg cgggctccgg gcgggctggg ccagtacta 240
55 gaaggcgagg cgccgcggga ccatggcggc ggccggcgac gagcggagtc cagaggacgg 300
agaagacgag gaaagaggag agcagttggt tctggtggaa ttatcaggaa ttattgattc 360

```

agacttcctc tcaaaatgtg aaaataaatg caagggtttg ggcattgaca ctgagaggcc420
 cattctgcaa gtggacagct gtgtctttgc tggggagtat gaagacactc tagggacctg480
 tgttatattt gaagaaaatg ttgaacatgc tgatacagaa ggcaataata aaacagtgtc540
 5 aaaatataaa tgccatacaa tgaagaagct cagcatgaca agaactctcc tgacagagaa600
 gaaggaagga gaagaaaaca taggtggggt ggaatggctg caaataaagg ataatgattt660
 ctctatcga cccaacatga tttgtaactt tctacatgaa aatgaagacg aagaagtgt720
 agcttcagcc ccagataaat ctttgggaatt ggaagaggaa gagattcaaa tgaaccaccg780
 gttcaaaccg ggggttggtg aaccggggga acccattgcg ccttggaat t 831

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 744 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

15 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

30 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

tgaagttcta agagctttcc aagtttgga aggtgtccg gttttctgcg attacttctc 60
 35 tgagcatgaa cggaagtcac cctttgtgcc ttatgcggtg attttaatga taggtgtcat120
 atataggacg gagtaatctg tttacattct gttcttctcg atgcactcac aagcgggtaa180
 ctagggtgaca agaaaacaaa gatcttattc aaaagaggtc ttacagcaac ccaactctcc240
 atcttcccat agtaaagatg acggcgccct gaggttaagct acaggcaaca ccaactccgc300
 gtttctcttg cgccctggtc caagatggcg gatgaagcca cgcgacgtgt tgtgtctgag360
 40 atcccgggtgc tgaagactaa cgccggaccc cgagatcgtg agttgtgggt gcagcgactg420
 aaggaggaat atcagtcctt tatccggtat gtggagaaca caaagaatgc tgacaacgat480
 tgggtccgac tggagtccaa caaggaagga actcgggtgt ttggaaaatg ctggtatatac540
 catgacctcc tgaatatatga gtttgacatc gagtttgaca tctctatcac atatcctact600
 actgcccag aaattgcagt tcctgagctg gatggaaaga cagcaaatgt gtacaggtag660
 45 gactgaatag gagatggcaa agagtcaaag aaagccttaa ggaagaactt cgtggcggga720
 gggagagcat caggaagagt agct 744

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2017 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

```

tgcgacccga ggcgccgagc aagatggcgg cgcgagtgc ggcgccccgc ggaggcgctg 60
ggccggcggc ctctgcagc ggcgcggccc ctgcagcctc ctgcccaggc tccggacatg 120
gacatcttcc agcaacagat ctcgagaaga cagctggcta aaatccttat ttgtccggaa 180
agttgatcca agaaaagatg cccactccaa tctcctagcc aaaaaggaaa caagcaatct 240
atacaaatca cagtttcaca atgttaaacc ggaatgccta gaagcataca acaaaatttg 300
tcaagaagggt ttgccaaaga ttcacgaaga taaacactac ccttgtactt tgggtggggac 360
ttggaacacg tggatatggc agcaggacca agctgtccac ctctggaggt atgaaggagg 420
ctatccagcc ctacagaag tcatgaataa actcagagaa aataaggaaat ttttggaatt 480
tcgttaaggca agaagtgaca tgcttctctc caggaagaat cagctcctgt tggagttcag 540
ttcttggaat gagcctgtgc caagatccgg acctaatata tatgaactca ggtcttacca 600
actccgacca ggaaccatga ttgaatgggg caattactgg gctcgtgcaa tccgcttcag 660
acaggatggg aacgaagccg tcggaggatt ctctctcag attgggcagc tgtacatggg 720
gcaccatctt tgggcttaca gggatcttca gaccagggaa gacatacgga atgcagcatg 780
gcacaaacat ggctgggagg aattggtata ttacacagtt ccacttattc aggaaatgga 840
atccagaatc atgatccac tgaagacctc gccctccag taaagctgta gagtttctat 900
gtgcctacat acatttctgt gacaagtatt tgcgttaaata taattttaat tgtgtatcaa 960
gtgaaaaaga aacactgagg ttttaagctg ctgtatatag cttgtgagaa acctcttttc 1020
ttttaaattt acataatcac aagaaaggaa agaattacag ttggactgat tgtgacagtg 1080
ccttgctgtc ctctttgaaa cccccgtgt tgtccagtat acctataac acctagccac 1140
ttctcccccac cctccagaag ggggccacgt tgaattctga atcatcttga aaataagatt 1200
ccaaccacaa aaaaaattta gccatttctt tactaaaaaa aacccaaaaa caaatctgtt 1260
ttataatcac agatttttag acaaatttct tgtatcagga agaaatacaa attttgtcat 1320
gtttctcaag cagtttttct gagtagtttc tgaggaggaa caaattcaa gtgtacccaa 1380
taactgaaaa tgttttaact cactctcatt tgaagcagt ccacatagta gacaatgggt 1440
tttccaagct gggcaaggta catttaatca gtaaatcagt ttcacatcat gtatttgtat 1500
gtttcaatgt gagacacaaa aacaatggct tgaaacttgt gtatcatatg tgattttgaa 1560
atgaacacct tgaatagcac taatttttat ttgtggatt tttctataac aaaacaagta 1620
gctctaggaa aagagggttt attttgtaaa cgatcatttg tgacctcaga cactctctgg 1680
ctaataattt aataagctca cagcagataa ttctgagatc atgggtgagg ggtggtgcat 1740
gttgagattt aaattggcat aaagctgcac actttttgtc tagctgtttg atttcatttt 1800
ttaatatagt atgccaattt tgtgactgtt accatgtgaa agtcctgttg aaatgaacaa 1860
ttgtctgccc cacaatcaag aatgtatgtg taaagtgtga ataaatctca tatcaaatgt 1920
caaactttta catgtgaatg attttctcaa agaacataga aaagtcaata aaatcctctt 1980
aatttccaca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaa
2017

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 856 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

20
cgcagtgcgc aggcgtgggg ctctctcctt gtcagtcggc gccgcgtgcg ggctgggtggc 60
tctgtggcag cggcggcgcc aggactccgg cactatgagc ggcttcagca ccgaggagcg120
cgccgcgcgc ttctccctgg agtaccgagt ctctcctcaa aatgagaaag gacaatatat180
atctccattt catgatattc caatttatgc agataaggat gtgtttcaca tggtagttga240
25 agtaccacgc tggctaatg caaaaatgga gattgctaca aaggaccctt taaaccctat300
taacaagat gtgaaaaaag gaaaacttcg ctatgttgcg aatttggtcc cgtataaaagg360
atatactctg aactatggtg ccattccctca gacttgggaa gaccagggc acaatgataa420
acatactggc tgttggtggtg acaatgaccc aattgatgtg tgtgaaattg gaagcaaggt480
atgtgcaaga ggtgaaataa ttggcgtgaa agttctaggc atattggcta tgattgacga540
30 aggggaaacc gactggaaag tcattgccat taatgtggat gatcctgatg cagccaatta600
taatgatatc aatgatgtca aacggctgaa acctggctac ttagaagcta ctgtggactg660
gtttagaagg tataaggttc ctgatggaaa accagaaaat gagtttgctg ttaatgcaga720
atttaaagat aaggactttg ccattgatat tattaagaagc actcatgacc attggaaagc780
attagtgact aagaaaacga atgggaaaag gatcatgttg attgttcaac ttttcgttgg840
35 gccctcaaa gtgtgc 856

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
40 (A) LÄNGE: 540 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

gcatagacaa agggcctcag aatcgcgag gcgcaattgt gccctgggtc gccaaagatgt 60
 cgttcccaaa gtataagccg tcgagcctgc gcaactctgc tgagaccctc gaccagccg120
 10 aatacaacat atctccggaa acccgcgagg cgcaagcgag cgggttgcca taagagccca180
 gctgaaacga, gactacctgc ttcagtacaa cgtatcccaac dgccgagggc tcatcgaaaa240
 tctgccttg cttcggtggg cctatgcaag aacaataaat gtctatccta atttcagacc300
 cactcctaaa aactcactca tgggagctct gtgtggattt gggccctca tcttcattta360
 ttatattatc aaaactgaga gggataggaa agaaaaactt atccaggaa gaaaattgga420
 15 tcgaacattt caccctctcat attaatgtctg gcaatgatga ctatatgtat tctgcctaa480
 ataatcatc tattaatcat taaaaaapaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaagtcg540

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1912 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

tggtgagggc ccaacagcgg aatcatcgat gcaggggcct gaattaatgt atctgtgatg 60
 ttacagcctt tcgattatga tcccaatgag aaaagtaaac acagggtatg gtccagtcta 120
 tggttgctcc aactgacact tcagatatgg aagcagtatg gaaggaggca aaaccggaag 180
 45 accttatgga ttcaaaactt agatgtgtgt ttgaattgcc agcagagaat gataaaccac 240
 atgatgtaga aataaataaa attatatcca caactgcac aaagacagaa acaccaatag 300
 tgtctaagtc tctgagttct tctttggatg acaccgaagt taagaagggt atggaagaat 360
 gtaagaggct gcaaggtgaa gttcagaggg tacgggagga gaacaagcag ttcaagggaag 420
 aagatggact gcggatgagg aagacagtgc ggctcttgcc tctggtggtt ttgttcttta 540
 50 caactgggaa ggaagaaggc cttagcaccg agagcaacag ccccatattca gcattagccc 480
 tcggttggtg aattattggg aagattgcct tctagaggta gcatgcacag gatggtaaat 600
 tggattggtg gatccaccat atcatgggat ttaaatttat cataaccatg tgtaaaaaaga 660
 aattaatgta tgatgacatc tcacaggctc tgcctttaa ttaccctcc ctgcacacac 720
 atacacagat acacacacac aaatataatg taacgatctt ttagaaagtt aaaaatgtat 780

```

agtaactgat tgagggggaa aagaatgatc tttattaatg acaagggaaa ccatgagtaa 840
tgcacaaatg gcatattgta aatgtcattt taaacattgg taggccttgg tacatgatgc 900
tggattacct ctcttaaaat gacacccttc ctgcctgtt ggtgctggcc cttggggagc 960
tggagcccag catgctgggg agtgcggtca gctccacaca gtagtcccca cgtggcccac 1020
5 tcccggccca ggctgctttc cgtgtcttca gttctgtcca agccatcagc tccttgggac 1080
tgatgaacag agtcagaagc ccaaaggaat tgcactgtgg cagcatcaga cgtactcgtc 1140
ataagtgaga ggcgtgtgtt gactgattga cccagcgtt tggaaataaa tggcagtgtc 1200
ttgttcactt aaagggacca agctaaattt gtattggttc atgtagtgaa gtcaactgtc 1260
tattcagaga tgtttaatgc atatttaact tatttaatgt atttcatctc atgttttctt 1320
10 attgtcacaa gagtacagtt aatgctgctg gctgctgaac tctgttgggt gaactggtat 1380
tgctgctgga gggctgtggg ctctctgttc tctggagagt ctgggtcatg ggaggtgggg 1440
tttattggga tgctggagaa gagctgccag gaagtgtttt ttctgggtca gtaataaaca 1500
actgtcatag ggagggaaat tctcagtagt gacagtcaac tctaggttac ctttttaaat 1560
gaagagtagt cagtcttcta gattgttctt ataccacctc tcaadcatta ctcacacttc 1620
15 cagcgcaccag gtccaagtct gagcctgacc tcccttggg gacctagcct ggagtcagga 1680
caaatggatc gggctgcaga ggggttagaag cgagggcacc agcagttgtg ggtggggagc 1740
aagggaagag agaaactctt cagcgaatcc ttctagtact agttgagagt ttgactgtga 1800
attaatttta tgccataaaa gaccaacca gttctgtttg actatgtagc atcttgaaaa 1860
gaaaaattat aataaagccc caaattaag aaaaaaaaaa aaaaaatact gc 1912
20

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1962 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:
- 45 tttttttttt ttttatcgag caagaatctg ttaacagttt tttttttttt tatgttaaat 60
accatgggac aggattgtaa ggatgaaaaa ctcagtcaac aactgcctca caagggataa 120
gaaaaattct gccatgatat tagcaaaggt aaaggaggaa aaatttacac tgtaagaggc 180
accatttccc caaggaatac ctcttggcat ttctgaatg agtgggatta gcaatctaaa 240
50 taaatcatat ttcaagaggt aacagcaaca gataaaattt aaagggatta ttaaaaaaac 300
atttacaaga ctctgaacaa ttcttgaact cttattaaaa ccacaaagaa agaacaattc 360
tttattttatg aatttcataa aggactcaat gtgcaactga catctgctag tgatgatctg 420
gtaatatata acctgtccag tagccgaaca gtttgttttt attgtgtttt ctaaccgtaa 480
gagatcatta aaggcaaagc ctatatgacg ctgtacacac aaaaaaatgg tcaccgtggg 540
55 ccatactacc aatgaaatgg taggtaaaca aatctttttc tggccaagag aaaaaaaaaa 600
aaaagaaca gcactctgca tgcttcactc tacaagatga atttccttag aaagaatcca 660


```

atgaaaatgg ctgcaattac aacaagaagt gaaggaagag gactggtgac attatctctg 720
aaggatgcag ttgaggttga tccagggtta tccgaatgtg ctacctttct gagccttaaa 780
ccttcacetc tcagggtccg attttcttct gatagcttca tcatttctcc ctgaagtctt 840
ttacactctt ccattagttt ccttggttcg gtatcattaa gtgaaacact gtgtggtttt 900
5 ggcataggtc catcttgctt agatgcattc agtggaaacag ctttgctagg ttccatatca 960
ttcaatttat cattttcatt gggcatttca aatacgcac tcaatttgga atccattaat 1020
tcacaggtt ttgcctcttt ccacacagct tccatatctg aagtgtttgg tggagcaaaa 1080
attgtctgta ccataaactt gtgtttactc ttttcattcg gatcatagtc aaagggctgt 1140
agcattactg aaacagtcac agttgacctt ggtcaataa ttccactgtt gggcctcaca 1200
10 cagtaccggc gaggtgctgt agtcttcaact ttgaaacaca cttttctatc cgatggattt 1260
cgcaatttaa gattttagt gactacatct gtgaaggggc ctttgaattt gaggtctgtg 1320
ggcggatcga ggaccaggat ctgctcgtct tcgccatggc ccctgaggcg gacgccatcg 1380
gagagacagc gcagagcagg ggcgggcttg ctgctgggg gcgggggacg atggcgagag 1440
gggaggggga gcgagttcgc atctctcctt ttcttggtta gactctgttc aaccacattc 1500
15 ttatgttggc agatctgctt ccagattgat ttttagagca ccatcacttt cacattcctg 1560
attctgattt tgttttgtt tgtttgggtt ttctgaaact taaaatgctg ccccgaaaat 1620
actatatttt tgagtttgg ttctgaaagc ctccgtgctg ctggatcttt ggggggaaat 1680
acaggatcct tcagcactga ggtgtttaag atttgcaact agcaatgcaa tttttctaa 1740
atattgggat atttaccttt attaagaaat tatactaaac attgatgtcc ttgatcattt 1800
20 tatgttctca tattactttt gattctacta tgattgtgtg gtggtgaaca aagatcatta 1860
caaacaaaaa ctgtaatttt gttatatttg attcaatgga atttacctaa aaaataaaga 1920
ctaaaaatgt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa
1962

```

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1458 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

45 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

```

cggtcgcagc ggctcgagat tcgaggtcgt ggtggtcttg gaagagcgtc gagggggccg 60
50 tggacgtgga atgggcccag gagatggatt tgattctcgt ggcaaacgtg aatttgatag 120
gcatagtgga agtgatagat ctggcctgaa gcacgaggac aaacgtggag gtacgggac 180
tcacaactgg ggaactgtca aagacgaatt aacagagtcc cccaaataca ttcagaaaca 240
aatatcttat aattacagtg acttggtatc atcaaatgtg actgaggaaa cacctgaagg 300
tgaagaacat catccagtgg cagacactga aaataaggag aatgaagttg aagaggtaaa 360
55 agaggagggt ccaaaagaga tgactttgga tgagtggagg gctattcaaa ataaggaccg 420
ggcaaaagta gaatttaata tccgaaaacc aatgaaggt gctgatgggc agtgaagaa 480

```

```

5  gggatttggt cttcataaat caaagagtga agaggctcat gctgaagatt cgggttatgga 540
   ccatcatttc cggaagccag caaatgatat aacgtctcag ctggagatca attttgaga 600
   ccttgccgc ccaggacgtg gcggcagggg aggacgaggt ggacgtgggc gtggtgggcg 660
   ccccaaacgt ggcagcagga ccgacaagtc aagtgttct gtcctgatg tggatgaccc 720
   agaggcattc ccagctctgg cttaactgga tgccataaga caaccctggt tcctttgtga 780
   acccttctgt tcaaagcttt tgcattgcta aggattccaa acgactaaga aattaaaaaa 840
   aaaaagactg tcattcatac cattcacacc taaagactga attttatctg ttttaaaaat 900
   gaacttctcc cgctacacag aagtaacaaa tatggtagtc agttttgtat ttagaaatgt 960
   attggtagca gggatgtttt cataattttc agagattatg cattcttcat gaatactttt1020
10 gtattgctgc ttgcaaatat gcatttccaa acttgaata taggtgtgaa cagtgtgtac1080
   cagtttaaag ctttcaactc atttgtgttt tttaattaag gatttagaag ttccccaat1140
   tacaactggg ttttaaatat tggacatact ggttttaata cctgcttgc atattcacac1200
   atggtcaact gggacatgtt aaactttgat ttgtcaaatt ttatgctgtg tggataacta1260
   actatatgta ttttaactta gttttaatat ttccattttt ggggaaaaat cttttttcac1320
15 ttctcatgat agctgttata tatatatgct aaatctttat atacagaaat atcagtactt1380
   gaacaaatto aaaagcacat ttggtttatt aaccctgtgc tggcctggca tggggcccat1440
   ttgggggtcca aattatga                                     1458

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

20

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2188 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

25

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

```

45  gggccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 60
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 120
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 180
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 240
   cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc cccccccccc 300
   ccaacccttc ccacccccc ccctacaag tcacctggtt aagccaacct gaattctact 360
   cacctgggcg tggagtatg tatgacagaa tgcgacgagg agtgatgga tatgatggg 420
50 gttatggagg ttttgatgac tatggtggct ataataatta cggctatggg aatgatggct 480
   ttgatgacag aatgagagat ggaagaggta tgggaggaca tggctatggt ggagctgggt 540
   atgcaagttc aggttttcat ggtggtcatt tcgtacatat gagagggttg ccttttcgtg 600
   caactgaaaa tgacattgct aatttcttct caccactaaa tccaatacga gttcatattg 660
   atattggagc tgatggcaga gccacaggag aagcagatgt agagtttgtg acacatgaag 720
55 atgcagtagc tgccatgtct aaagataaaa ataacatgca acatcgatat attgaactct 780
   tcttgaattc tactcctgga ggcggctctg gcattggagg ttctggaatg ggaggctacg 840

```

```

gaagagatgg aatggataat cagggaggct atggatcagt tggagaagt ggaatgggga 900
acaattacag tggaggatat ggtactcctg atggtttggg tggttatggc cgtgggtggg 960
gagggcagtg aggttactat gggcaaggcg gcatgagtg aggtggatgg cgtgggatgt 1020
actgaaagca aaaacaccaa catacaagtc ttgacaacag catctggtct actagacttt 1080
5' cttacagatt taatttcttt tgtattttta gaactttata atgactgaag gaatgtgttt 1140
tcaaaatatt atttggtaaa gcaacagatt gtgatgggaa aatgttttct gtaggtttat 1200
ttgttgcata ctttgactta aaaataaatt tttatattca aaccactgat gttgatactt 1260
tttatatact agttactcct aaagatgtgc tgccttcata agatttgggt tgatgtattt 1320
tactattagt tctacaagaa gtagtgggt gtaattttag aggataatgg ttcacctctg 1380
10' cgtaaaactgc aagtcttaag cagacatctg gaatagagct tgacaaataa ttagtgtaac 1440
ttttttcttt agttcctcct ggacaacact gtaaatataa agcctaaaga tgaagtggct 1500
tcaggagtat aaattcagct aattatttct atattattat ttttcaaag tcatttatca 1560
ggcatagctc tgaacattg atgatctaag aggtattgat ttctgaatat tcataattgt 1620
gttacctggg tatgagagtg ttggaagctg aattctagcc ctgattttg gagtaaaacc 1680
15' ccttcagcac ttgaccgaaa taccaaaaa gtctccaaa aattgatagt tgcaggttat 1740
cgcaagatgt cttagagtag ggttaagggt ctcagtgaca caagaattca gtattagta 1800
cataggatatt tactatggag tataattctc acaattgtat tttcagtttt ctgccaata 1860
gagtttaaat aactgtataa atgatgactt taaaaaatg taagcaacaa gtccatgtca 1920
tagtcaataa aaacaatcct gcagttgggt ttgtatctg atccctgctt ggagttttag 1980
20' tttaaagaat ctatatgtag caaggaaaag gtgcttttta attttaatcc ctttgatcaa 2040
tatggctttt ttccaaattg gctaattgat caaaatgaaa cctgttgatg tgaattcagt 2100
tattgaactt gttacttgtt ttgcccagaa atgtatttaa taaatgtcaa tgtgggagat 2160
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaa
2188

```

25

2). INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 1548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

50

```

ctcgtagtt cgtcggtag cgggagcgga gagcgaccc cagagagccc tgagcagccc 60
caccgccc gccggcctag ttaccatcac accccgggag gggccgcagc tgccgcagcc 120
ggccccagtc accatcacgc caaccatgag cagcgaggcc gagaccagc agccgcccgc 180
ggccccccc gcggccccgc cctcagcgc cgccgacac aagcccgga ctacgggcag 240
cggcgaggg agcggtgccc cgggcccct cacatcgcc gcgcctgcc gcggggacaa 300
55' gaaggtcatc gcaacgaag ttttggaac agtaaatgg ttcaatgtaa ggaacggata 360
tggtttcatc aacaggaatg acaccaagga agatgtattt gtacaccaga ctgccataaa 420

```

```

gaagaataac cccaggaagt accttcgcag ttaggagat ggagagactg tggagtttga 480
tgttgttgaa ggaacaaagg gtgcggaggc agcaaatgtt acaggtcctg gtggtgttcc 540
agttcaaggc agtaaatatg cagcagaccg taaccattat agacgctatc cacgtcgtag 600
gggtcctcca cgcaattacc agcaaaatta ccagaatagt gagagtgggg aaaagaacga 660
5 gggatcggag agtgctcccg aaggccaggc ccaacaacgc cgccctacc gcaggcgaag 720
gttccacact tactacatgc ggagacccta tgggcgtcga ccacagtatt ccaaccctcc 780
tgtgcaggga gaagtgtatg aggggtgtga caaccagggt gcaggagaac aaggtagacc 840
agtgaggcag aatatgtatc ggggatatag accacgattc cgcaggggcc ctctcgcga 900
aagacagcct agagaggacg gcaatgaaga agataaagaa aatcaaggag atgagaccca 960
10 aggtcagcag ccacctcaac gtcggtaccg ccgcaacttc aattaccgac gcagacgccc 1020
agaaaaccct aaaccacag atggcaaaaga gacaaaagca gccgatccac cagctgagaa 1080
ttcgtccgct cccgaggctg agcagggcgg ggctgagtaa atgccggctt accatctcta 1140
ccatcatccg gttagtcat ccaacaagaa gaaatatgaa attccagcaa taagaaatga 1200
15 acaaaagatt ggagctgaag acctaagtg cttgcttttt gcccgttgac cagataaata 1260
gaactatctg cattatgtat gcagcatggg gtttttatta tttttaccta aagacgtctc 1320
tttttggtaa taacaaacgt gttttttaa aaagcctggg ttttctcaat acgccttta 1380
aggtttttaa attgttcat atctgggtcaa gttgagatt ttaagaactt cattttta 1440
ttgtaataaa agtttaaac ttgatttttt caaaaaagtc aacaaactgc aagcacctgt 1500
taataaagggt cttaaataat tgtctttgtg taataaaaaa gggaatat 1548

```

20

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1254 Basenpaare

25

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

```

45 ggaccgcttc ccccgagcca gcagcagcgt ttgacgtcat cgtgcgtgtg gtgcccctgc 60
tgccggggct ggtgattgga ggaaaccccg tgtctgacgg agggctgtag cctgtgagca 120
gcgagatcca gggacagagt ctacgacctg ccgctgctgc cgcccgccgc gccagagac 180
tgctgagccc gtccgtccgc cgccaccacc cactccggac acagaacatc cagtcattga 240
taaaaatgag ctggttcaga aggccaaact ggccgagcag gctgagcgat atgatgacat 300
50 ggcagcctgc atgaagtctg taactgagca aggagctgaa ttatccaatg aggagaggaa 360
tcttctctca gttgcttata aaaatgttgt agggcccggt aggtcatctt ggagggtcgt 420
ctcaagtatt gaacaaaaga cggaagggtc tgagaaaaaa cagcagatgg ctcgagaata 480
cagagagaaa attgagacgg agctaagaga tatctgcaat gatgtactgt ctcttttga 540
aaagttcttg atcccaatg cttcacaagc agagagccaa agtcttctat ttgaaaatga 600
55 aaggagatta ctaccgttac ttggctgagg ttgccgctgg tgatgacaag aaagggattg 660
tcgatcagtc acaacaagca taccaagaag cttttgaaat cagcaaaaag gaaatgcaac 720

```

```

caacacatcc tatcagactg gggctggccc ttaactttctc tgggttctat tatgagattc 780
tgaactcccg cagagaaagc ctgctctctt gcaaagacag cttttgatga agccattgct 840
gaacttgata cattaagtga agagtcatac aaagacagca cgctaataat gcaattactg 900
agagacaact tgacattgtg gacatcggat acccaaggag acgaagctga agcaggagaa 960
5 ggaggggaaa attaacccgc cttccaactt ttgtctgcct cattctaaaa ttacacagt 1020
agaccatttg tcatccatgc tgtcccacaa atagtttttt gtttacgatt tatgacaggt 1080
ttatgttact tctatttgaa tttctatatt ttccctgtgg gttttatgtt tagttttggg 1140
ggagtaggag ccagtttaac gtttggggag tttgtctgtt ttctgtcttt gaggggtggg 1200
10 ccagtatggg ggggtgttg gattttttgt taccagtttt tgagggtgtt ttgg 1254

```

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15 (A) LÄNGE: 954 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63:

```

35 cctcttcttt ttctttttct tctttttttt ttcttttttt ttttttgta gagcaggggc 60
actttattgg tatagagact gcagagggac caggggcttt agctgttggc agctatggtg 120
tccttaatcc agtccacata gttgttagacc ttggtgtaga ctccaggcct gttcttctgg 180
gcacagccat agccccagga gacaattcct tggagctctc cattggagac cacagggcca 240
40 ccagaatcac cctggcagga atccttgcct ccctcgagga agcccacaca gaacatgttg 300
ttggtaatct ttccagggtg ggaggcttca cactcagcct ggctcagcac aggagcatcc 360
aggcactgca gctcgtctgg gtagtcggca ccagaactca gagtggtgcc ccagccggag 420
atgagggact cggtgccagc agctggaggg gcaagtggga gagagatggc ggacacgcgg 480
gaattgatga cggcaggtga ggagagcttg atcagcagga tgtcattgtc cagagtccgg 540
45 ctggtgtatt tggggtggcg gatgatcttg gccgcattga tgaactgttc attccccctc 600
aggacttcga tgttgtgtc tcccagcttc acctggatgc gggacttgta gcagtgcct 660
gctgacacca cccactgttc gctgatgagg gagccaccgc agaagtggta gccagaattc 720
aaggacacct ggtaggggac agaattctcc tcacagatgt agccccaac gatcttgtca 780
tcacatcaa agggggcagc aacagcagct gcaacaaagg taaggatcag aagtagattc 840
50 atggtggtag agtgtgcctg attgtctgtg gagaacccgt cttataacct cccgaggatg 900
gggagaggag gtgtctgtga ggtgagggtc actgtcctc ccagcacaaa caca 954

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2213 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65:

```

ggcggaccg cccggggctg aggcctgcct ctccgagagc tcctggcgcg gccgtcccgg 60
cccggggccc caggtgcgct tcccctagag agggattttc cgggtctcgtg ggcagaggaa 120
caaccaggaa cttggggctc agtctccacc ccacagtggg gcggatccgt cccggataag 180
25 acccgctgtc tggccctgag taggggtgtga cctccgcagc cgcagaggag gagcgcagcc 240
ggcctcgaag aacttctgct tgggtggctg aactctgata ttgacctaga gtcattggcca 300
tggcaaccaa aggaggtact gtcaaagctg cttcaggatt caatgccatg gaagatgccc 360
agacctgag gaaggccatg aaagggtctg gcaccgatga agacgccatt attagcttcc 420
ttgcctaccg caacaccgcc cagcgccagg agatcaggac agcctacaag agcaccatcg 480
30 gcagggactt gatagacgac ctgaagtcag aactgagtgg caacttcgag caggtgattg 540
tggggatgat gacgcccacg gtgctgtatg acgtgcaaga gctgcgaagg gccatgaagg 600
gagccggcac tgatgagggc tgcctaattg agatcctggc ctcccggacc cctgaggaga 660
tccggcgcat aagccaaacc taccagcagc aatatggacg gagccttgaa gatgacattc 720
gctctgacac atcgttcatg ttccagcgag tgctgggtgtc tctgtcagct ggtgggaggg 780
35 atgaaggaaa ttatctggac gatgctctcg tgagacagga tgcccaggac ctgtatgagg 840
ctggagagaa gaaatggggg acagatgagg tgaaatttct aactgttctc tgttcccggg 900
accgaaatca cctgttgcat gtgtttgatg aatacaaaag gatattcacag aaggatattg 960
aacagagtat taaatctgaa acatctggta gctttgaaga tgctctgctg gctatagtaa 1020
agtgcattgag gaacaaatct gcatattttg ctgaaaagct ctataaatcg atgaagggct 1080
40 tgggcaccga tgataacacc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcattcaagg 1200
tggtatccg ggcacacttc aagagactct atggaaagtc tctgtactcg ttcattcaagg 1200
gtgacacatc tggagactac aggaagtagc tgcttggtct ctgtggagga gatgattaaa 1260
ataaaaatcc cagaaggaca ggaggattct caacactttg aattttttta acttcatttt 1320
tctacactgc tattatcatt atctcagaat gcttatttcc aattaaaacg cctacagctg 1380
45 cctcctgaaa tatagactgt ctgtattatt attcacctat aattagtcat tatgatgctt 1440
taaagctgta cttgcatttc aaagcttata agatataaat ggagatttta aagtagaaat 1500
aaatatgtat tccatgtttt taaaagatta ctttctactt tgtgtttcac agacattgaa 1560
tatattaaat tattccatat tttcttttca gtgaaaaatt ttttaaatgg aagactgttc 1620
taaaatcact tttttcccta atccaatttt tagagtggct agtagtttct tcatttgaaa 1680
50 ttgtaagcat ccggtcagta agaagtgcca tccagttttc tatatttcat agtcaaaagg 1740
ttgaaagcat ctacaaatct ctttttttag gttttgtcca tagcatcagt tgatccttac 1800
taagtttttc atgggagact tccttcatca catcttatgt tgaaatcact ttctgtagtc 1860
aaagtatacc aaaaccaatt tatctgaact aaattctaaa gtatggttat acaaaccata 1920
tacctctggt taccaaacat aaatgctgaa cattccatat tattatagtt aatgtcttaa 1980
55 tccagcttgc aagtgaatgg aaaaaaaat aagcttcaaa ctaggatttc tgggaatgat 2040
gtaatgctct gaatttagta tgatataaag aaaacttttt tgtgctaaaa atacttttta 2100
aatcaattt tgttgattgt agtaatttct atttgcactg tgcttttcaa ctccagaaac 2160
attctgaaga tgtacttggg ttttaattaaa aagttcactt tgtaaaaaaa aaa 2213

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 2878 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67:
- ```

cctcgtgcag gtgcaccgct tggctcctaaa agctctggag gatggccggg catatgggtc 60
tccatggtgc aacaaacaga tcacaagggtg cctaattgaa tgtcgagatg aatataaata 120
taatgtggag gctgtggagc tgctaattcg caatcatttg gttaatatgc agcagtatga 180
tcttcaccta gcgcagtcaa tggagaatgg cttaaactac atggctgtgg catttgctat 240
gcagttagta aaaatcctgc tgggtggatga aaggagtgtt gctcatgtta ctgaggcaga 300
tctgttccac accattgaaa ccctcatgag gattaatgct cattccagag gcaatgctcc 360
agaaggattg ccccgactga tggaaagtagt gcgatccaac tatgaagcaa tgattgatcg 420
tgctcatgga ggcccaaact ttatgatgca ttctgggagc tctcaagcct cagagtatga 480
tgaccctcca ggccctgagg agaaggcaga gtatcttctg agggaaatggg tgaatctcta 540
ccattcagca gcagctggcc gcgacagtac caaagctttc tctgcatttg ttggacagat 600
gcaccagcaa ggaatactga agaccgatga tctcataaca aggttctttc gtctgtgtac 660
tgaaatgtgt gttgaaatca gttaccgtgc tcaggctgag cagcagcaca atcctgctgc 720
caatcccacc atgatccgag ccaagtgcta tcacaacctg gatgcctttg ttcgactcat 780
tgactgctc gtgaaacact caggggaggc caccaacact gtcacaaaga ttaatctgct 840
gaacaaggtc cttggtatag tagtgggagt tctccttcag gatcatgatg ttcgtcagag 900
tgaatttcag caacttcctt accatcgaat ttttatcatg cttctcttgg aactcaatgc 960
acctgagcat gtgttggaat ccattaattt ccagacactt acagcttctt gcaatacatt1020
ccacatcttg aggcctacca aagctcctgg ctttgtatat gcctggcttg aactgatttc1080
ccatcgata tttattgcaa gaatgctggc acatacgcca cagcagaagg ggtggcctat1140
gtatgcacag ctactgattg atttattcaa atatttagcg cctttcctta gaaatgtgga1200
actcaccaaa cctatgcaaa tcctctacaa gggcacttta agagtgtgc tggttctttt1260
gcatgatttc ccagagttcc tttgtgatta ccattatggg ttctgtgatg tgatccccacc1320
taattgtatc cagttaagaa atttgatcct gagtgccttt ccaagaaaca tgaggctccc1380
cgacccattc actcctaatc taaaggtgga catgttgagt gaaattaaca ttgctccccg1440
gattctcacc aatttcactg gagtaatgcc acctcagttc aaaaaggatt tggattccta1500
tcttaaaact cgatcaccag tcactttcct gctgatctg cgcagaacct acaggtatcc1560
aatgaacctg ggaatcgcta caacctccag ctcatcaatg cactgggtgct ctatgtcggg1620
actcaggcca ttgcgcacat ccacaacaag ggcagcacac cttcaatgag caccatcact1680
cactcagcac acatggatat cttccagaat ttggctgtgg acttggacac tgagggtcgc1740
tatctctttt tgaatgcaat tgcaaatcag ctccggtacc caaatagcca cactcactac1800

```

```

ttcagttgca ccatgctgta cctttttgca gaggccaata cggaagcbat ccaagaacag1860
atcacaagag ttctcttggg acggttgatt gtaaataaggc cacatccttg gggctctctt1920
attaccttca ttgagctgat taaaaaccca gcgtttaagt tctggaacca tgaatttgta1980
cactgtgccc cagaaatcga aaagttattc cagtcggtcg cacagtgtg catgggacag2040
5 aagcaggccc agcaagtaat ggaagggaca ggtgccagtt agacgaaact gcatctctgt2100
tgtacgtgtc agtctagagg tctcactgca ccgagttcat aaactgactg aagaatcctt2160
tcagctcttc ctgacttttc cagccctttg gtttgtgggt atctgcccc actactgttg2220
ggatcagcct cctgtcttat gtgggcacgt tccaaagttt aaatgcattt tttgactct2280
tgcccaaaat ttagaagatg ctgtgaatat cattttgaac ttgtgtaaat acatgaaaga2340
10 ggaaaacctt tgtctggaac ttcttggtt tgtgcaagct gtgtccaagg caagtacata2400
aactggtacc ttgtaatgaa gaggcagctg atgccatgca cttgtctgag ggcatagctc2460
catgtcttct gacattcctg gtgtcccaaa gaatagcaaa aagccagttt gaatatatg2520
taacttattt ttttaattgt gacaggggac cttgaaaatc actaagtta taaaaatgtg2580
gatgtgctag aattggatat gtccaggaac atgggaaagg ctcactattg gaatcccatg2640
15 agtttccatt ttgtctctac ccaaacgtat tccaaagctg actgcatttg taccatctta2700
tttcttttgg ggaattatac cctcagccgc ctgagatggg ggtcagctct ttatataaag2760
ggaaaccaga ccaggcctaa agcccatccc ctaccctcac cccccccaca atcctctcct2820
gaaactttaa aaaccagtgg ggatttttag gaaagggaaac ccaaaccgc attaatg 2878

```

20

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

(A) LÄNGE: 701 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

40

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68:

```

45 atgatatttt ggatgtagtc ttttgattgt ttaaacttta aaaagtaatg ggatcttttg 60
acactggggg atgttttatt tttatgtgtg caaattttaa ccatattctt ttctagttaa120
agaggaaaaa gcaagttgct ccagaaaaac ctgtaaagaa acaaaagaca ggtgagactt180
cgagagccct gtcattctct aaacagagca gcagcagcag agatgataac atgtttcaga240
ttgggaaaaat gaggtacgtt agtggttcgc attttaagg caaagtgcta attgatatta300
50 gagaatattg gatggatcct gaaggtgaaa tgaaaccagg aagaaaagg atttctttaa360
atccagaaca atggagccag ctgaaggaa acagatttctga cattgatgat gcagtaagaa420
aactgtaaaa ttcgagccat ataaataaaa cctgtactgt tctagtgtt ttaatctgtc480
tttttacatt ggcttttgtt ttctaaatgt tctccaagct attgtatgt tggattgcag540
aagaatttgt aagatgaata ctttttttta atgtgcatta ttaaaaaat tgagtgaagc600
55 taattgtcaa ctttattaag gattactttg tctgccacc acctagtgt aataaaatc660
aagtaataca atcttaaaaa aaaaaaaaaa aaaagtcgag c 701

```



## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 817 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69:

```

gttttttttt tttttttttt ttttttttaa gcacagaaag cttttattac cacagaggaa 60
atcaggaaat gctggaggca gctcgttag ctgtgtgatc agggagggga cagcaggcgg120
gaaccctgtca tcaatcatgt ctgggcagtc tcccaaccaa caggtttggt tgggttcagg180
gaggcttttg ctgggctgtg tgtgtgtatg atcaggaagg tcagcctcaa caaatgggct240
tcttcctgga cataggacag ccagaatcgg ggacaccagc tgcacagaca ccaccttaa300
atggaaatca aattaggttc attacatcag gaagtacatt tcacctgat cataaaagag360
ggacaaggga gcactgggct ctactggata gcctttcttt tagataagat gcttttaaaa420
gttaaacatt ggcaggcct ttccctagc taacagcaag cagcacacaa ttccaagtca480
gcttgtaaag cttttgttat ctttgttatc tgttattatt tggattttga acgaaattga540
tggagtacga gccggtagag gaatcctgtt tgatctggaa attttccgtg gagagcccaa600
aaggctcggag aaccaagttc ccaagatcct ttaatttacc taacatctct tcttttagtc660
tttcattacg ttcttcaatt tgcttaggta atctcataca agcttctctt gcttgatgta720
ttgatgaagg ttccgcctg ctgtccctc cctgatcaca cagctaacga ggctcctcca780
gcatttcctg atttcctctg tgtaataaa agctttc

```

817

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2686 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

## (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

## (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70:

```

gcaaggccta ctgtcggtcg ggaggggagg tgtagccggt ctttgggggt aggcggtagt 60
ggcggaagag gttcggcggc tgatggcgga tcaggatcgg aagcctgcgt aactttctcc 120
cttgatccgg gagtctttcc actggattca caatgacatc ctttcaagaa gtcccatg 180
15 agacttccaa ctttgcccat gtcattcttc aaaatgtggc caagagttac cttcctaag 240
cacacctgga atgtcattac accttaactc catatattca tccacatcca aaagattgg 300
ttggtatatt caaggttggg tggagtactg ctctgtatta ttacacgttt ttatggtccc 360
ctatgcctga acattatgtg gaaggatcaa cagtcaattg tgtactagca ttccaaggat 420
attaccttcc aaatgatgat ggagaatttt atcagttctg ttacgttacc cataagggtg 480
20 aaattcgtgg agcaagtaca cttttccagt ttcgagcttc ttctccagtt gaagagctgc 540
ttactatgga agatgaagga aattctgaca tgttagtggt gaccacaaaa gcaggccttc 600
ttgagttgaa aattgagaaa accatgaaag aaaaagaaga actgttaaag ttaattgccg 660
ttctggaaaa agaaacagca caacttcgag aacaagttgg gagaatggaa agagaactta 720
accatgagaa agaaagatgt gaccaactgc aagcagaaca aaagggtctt actgaagtaa 780
25 cacaagctt aaaaatggaa aatgaagagt ttaagaagag gttcagtgat gctacatcca 840
aagcccatca gcttgaggaa gatattgtgt cagtaacaca taaagcaatt gaaaaagaaa 900
ccgaattaga cagtttaaaag gacaaactca agaaggcaca acatgaaaga gaacaacttg 960
aatgtcagtt gaagacagag aaggatgaaa aggaacttta taaggtacat ttgaagaata 1020
cagaaataga aaataccaag cttatgtcag aggtccagac tttaaaaaat ttatagggga 1080
30 acaaagaaag cgtgattact catttcaaaag aagagattgg caggctgcag ttatgtttgg 1140
ctgaaaagga aaatctgcaa agaactttcc tgcttacaac ctcaagtaaa gaagatactt 1200
gttttttaaa ggagcaactt cgtaaagcag aggaacaggt tcaggcaact cggcaagaag 1260
ttgtctttct ggctaaagaa ctcagtgatg ctgtcaacgt acgagacaga acgatggcag 1320
acctgcatac tgcacgcttg gaaaacgaga aagtgaaaaa gcagttagct gatgcagtg 1380
35 cagaacttaa actaaatgct atgaaaaaag atcaggacaa gactgataca ctggaacacg 1440
aactaagaag agaagttgaa gatctgaaac tccgtcttca gatggctgca gaccattata 1500
aagaaaaatt taaggaaatc caaaggctcc aaaaaaactt aaacaactt tcagatcaat 1560
cagctaataa taataatgtc ttcacaaaga aaacggggaa tcagcagaaa gtgaatgatg 1620
cttcagttaa cacagacca gccacttctg cctctactgt agatgtaaa ccatcacctt 1680
40 ctgcagcaga ggcagatttt gacatagtaa caaaggggca agtctgtgaa atgaccaaag 1740
aaattgtcga caaaacagaa aagtataata aatgtaaaac actcttgca gatgagaaag 1800
caaaatgcaa taatatgct gatgaacttg caaaaatgga gctgaaatgg aaagaacaag 1860
tgaaaattgc tgaaaatgta aaacttgaa tagtgaagt acaggacaat tataaagaac 1920
45 ttaaaaggag tctagaaaat ccagcagaaa ggaaaatgga agatggagca gatgggtgct 1980
tttaccaga tgaaatacaa aggccacctg tcagagtccc ctcttgggga ctggaagaca 2040
atgttgtctg cagccagcct gctcgaaact ttagtcggcc tgatggctta gaggactctg 2100
aggatagcaa agaagatgag aatgtgccta ctgctcctga tcctccaagt caacatttac 2160
gtgggcatgg gacaggcttt tgctttgatt ccagctttga tgttcacaag aagtgtcccc 2220
50 tctgtgagtt aatgtttcct cctaactatg atcagagcaa atttgaagaa catgttgaaa 2280
gtcactggaa ggtgtgcccg atgtgcagc agcagttccc tctgactat gaccagcagg 2340
tgtttgaaag gcatgtgcag acccattttg atcagaatgt tctaaatttt gactagttac 2400
tttttattat gagttaatat agtttagcag taaaaaaaaa aaaaaaaacc acacctaaaa 2460
tagaccactg aggagaccat agagcggatg ctttcatgca ccctttactg cactttctga 2520
ccaggagcta ctttgagttt ggtgttacta ggatcagggt cagtctttgg cttatcaata 2580
55 aattttaatc tctgttaatc ttacaaaaa ttaaaaaaaa aaaaaaaat cgtactttat 2640
ttatccctag ttgcagactg ctgaataaag gtcaaggatt atccat 2686

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 922 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72:

```

25 ctgctctgaa aagccatctt tgcattgttc ctcattccgc tccttgctcg cggcagccgc 60
ctccgccgcg cgctctctcc gccgccgcgg actccggcag ctttatcgcc agagtccttg120
aactctgctt ttctttttaa tcccctgcat cggatcaccc gcgtgcccc ccatgtcaga180
cgcagccgta gacaccagct ccgaaatcac caccaaggac ttaaaggaga agaaggaagt240
tgtggaagag gcagaaaatg gaagagacgc ccctgctaac gggaatgcta atgaggaaaa300
tggggagcag gaggtgaca atgaggtaga cgaagaagag gaagaagggg ggtgatggtg360
30 aggaagagga tggagatgaa gatgaggaag ctgagtcagc tacgggcaag cgggcagctg420
aagatgatga ggatgacgat gtcgatacca agaagcagaa gaccgacgag gatgactaga480
cagcaaaaaa ggaaaagtta aactaaaaaa aaaaaggccg ccgtgacctt ttcacctcc540
acttcccgtc tcagaatcta aacgtgggtc ccttcgagta gagaggcccg cccgccacc600
gtgggcagtg ccaccgcgag atgacacgcg ctctccacca cccaaccaa accatgagaa660
35 tttgcaacag gggagggaag aaggaccaa acttccaagg ccctgctttt tttcttaaaa720
gtacttttaa aaggaaattt gttgtatgt tctatttaca ttgatagtg ttgtacatat780
tgtaggggt caaccatttt taatgatctc ggatgaccaa accagccttc ggaagcgttc840
tctggcctac ttctggactt ttacgttggt gggttggtga ccatgttcaa ttataatccc900
aaaaggggga aaaaaaacct tt
922

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 870 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73:

5  
 10  
 15  
 20  
 25  
 ggaagtggcg gtgcgagggc tgctgcacag cgagcggagc cgcggtccgg acggcagcgc 60  
 gtgccccgag ctctccgcct ccccccgccc gccagccgag gcagctcgag cccagtcgcg 120  
 ggccccagca gcagcgccga gagcagcccc agtagcagcg ccatggccgg gtggaacgcc 180  
 tacatcgaca acctcatggc ggacgggacc tgtcaggacg cggccatcgt gggctacaag 240  
 gactcgccct ccgtctgggc cgcggtcccc gggaaaacgt tcgtcaacat cagccagct 300  
 gaggtgggtg tcctggttgg caaagaccgg tcaagtttt acgtgaatgg gctgacactt 360  
 gggggccaga aatgttcggt gatccgggac tcaactgtgc aggatgggga atttagcatg 420  
 gatcttcgta ccaagagcac cgggtggggc cccaccttca atgtcactgt caccaagact 480  
 gacaagacgc tagtcctgct gatgggcaaa gaaggtgtcc acggtgggtt gatcaacaag 540  
 aaatggtatg aaatggcctc ccaccttcgg cgttcccagt actgacctcg tctgtccctt 600  
 ccccttcacc gctccccaca gctttgcacc cctttcctcc cdatacacac acaaaccatt 660  
 ttattttttg ggccattacc ccatacccct tattgtgtcc aaaaccacat gggctggggg 720  
 ccagggctgg atggacagac acctccccct acccatatcc ctcccgtgtg tgggtggaaa 780  
 acttttggtt tttgggggtt ttttttctg aataaaaaag attctactta aaaaaaaaaa 840  
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaagggggggg 870

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 74:

## 30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1418 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 74:

ataaaagagg aaagagtgcc caggtcttca ctccactgcg actgcagaac tcagagctgc 60  
 tcttcctctg tggccagttg gggaccagca tcatgaagtg gatggtggtg gtcttggtct 120  
 gcctccagct cttggaggca gcagtgggtc aagtgcacct gaagaaattt aagtctatcc 180

```

gtgagaccat gaaggagaag ggcttgctgg gggagttcct gaggaccac aagtatgac 240
ctgcttgaa gtaccgcttt ggtgacctca gcgtgacctc cgagcccatg gcctacatgg 300
atgctgccta ctttggtgag atcagcatcg ggactccacc ccagaacttc ctggctcctt 360
ttgacaccgg ctctccaac ttgtgggtgc cctctgtcta ctgccagagc caggcctgca 420
5 ccagtcactc ccgcttcaac ccagcgagt cgtccacctc ctccaccaat gggcagacct 480
tctccctgca gtatggcagt ggcagcctca ccggttctt tggctatgac accctgactg 540
tccagagcat ccaggtcccc aaccaggagt tcggcttgag tgagaatgag cctgggtacca 600
acttcgtcta tgcgcagttt gatggcatca tgggcctggc ctaccctgct ctgtccgtgg 660
atgaggccac cacagctatg cagggcattg tgcaggaggg cgccctcacc agccccgtct 720
10 tcagcgtcta cctcagcaac cagcagggtt ccagcggggg agcgggtgtc ttgggggtg 780
tggatagcag cctgtacacg ggcagatctt actgggcgcc tgtcaccag gaactctact 840
ggcagattgg cattgaagag ttctcatcg gcggccaggc ctccggctgg tgttctgagg 900
gttgccaggc catcgtggac acaggcacct ctctgctcac tgtgcccag cagtacatga 960
gtgctcttct gcaggccaca ggggccaggg aggatgagta tggacagttt ctctgtaact 1020
15 gtaacagcat tcagaatctg ccagcttga ccttcatcat caatggtgtg gagtccctc 1080
tgccaccttc ctctatatc ctcatgaaca acggctactg caccgtggga gtcgagccca 1140
cctacctgtc ctcccagaac ggcagcccc tgtggatcct cggggatgtc ttcctcaggt 1200
cctactatct cgtctacgac ttgggcaaca acagagtagg ctttgccact gccgcctaga 1260
cttgctgcct cgacacgtgg gctccctctt tctcttgac cctgcaccct cctagggcat 1320
20 tgtatctgtc ttccactctt ggattcagcc ttcttttctt ggactctgga ctttctctaa 1380
taataaatag ttcttctttt aaaaaaaaaa aaaaaaaa 1418

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1712 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76:

```

gtggcagaaa acctcatgac acaatctctc cgcctccctg tgttggtgga ggatgtctgc 60
agcagcattt aaattctggg agggcttggg tgtcagcagc agcaggaggg gcagagcaca 120
gcctcgtcgg gaccagactc gtctcaggcc agttgcagcc ttctcagcca aacgccgacc 180
50 aaggaaaact cactaccatg agaattgcag tgatttgctt ttgcctccta ggcacacct 240
gtgccatacc agttaaacag gctgattctg gaagttctga ggaaaagcag ctttacaaca 300
aataccaga tgctgtggcc acatggctaa accctgacct atctcagaag cagaatctcc 360
tagccccaca gaatgctgtg tctctgaa gaaaccaatga ctttaaaca gagaccttc 420
caagtaagtc caacgaaagc catgaccaca tggatgatat ggatgatgaa gatgatgacg 480
55 accatgtgga cagccaggac tccattgact cgaacgactc tgatgatgta gatgaactg 540
atgattctca ccagtctgat gagtctcacc attctgatga atctgatgaa ctggtcactg 600

```

```

at t t t c c c a c g g a c c t g c c a g c a a c c g a a g t t t t c a c t c c a g t t g t c c c c a c a g t a g a c a 660
c a t a t g a t g g c c g a g g t g a t a g t g t g g t t t a t g g a c t g a g g t c a a a a t c t a a g a a g t t t c 720
g c a g a c c t g a c a t c c a g t a c c c t g a t g c t a c a g a c g a g g a c a t c a c c t c a c a c a t g g a a a 780
g c g a g g a g t t g a a t g g t g c a t a c a a g g c c a t c c c c g t t g c c c a g g a c c t g a a c g c g c c t t 840
5 c t g a t t g g g a c a g c c g t g g g a a g g a c a g t t a t g a a a c g a g t c a g t g g a t g a c c a g a g t g 900
c t g a a a c c c a c a g c c a c a a g c a g t c c a g a t t a t a t a a g c g g a a a g c c a a t g a t g a g a g c a 960
a t g a g c a t t c c g a t g t g a t t g a t a g t c a g g a a c t t t c c a a a g t c a g c c c g t g a a t t c c a c a 1020
g c c a t g a a t t t c a c a g c c a t g a a g a t a t g c t g g t t g t a g a c c c c a a a a g t a a g g a a g a a g 1080
a t a a a c a c c t g a a a t t t c g t a t t t c t c a t g a a t t a g a t a g t g c a t c t t c t g a g g t c a a t t 1140
10 a a a a g g a g a a a a a a t a c a a t t t c t c a c t t t g c a t t t a g t c a a a a g a a a a a a t g c t t t a t a 1200
g c a a a a t g a a a g a g a a c a t g a a a t g c t t c t t t c t c a g t t t a t t g g t t g a a t g t g t a t c t a 1260
t t t g a g t c t g g a a a t a a c t a a t g t g t t t g a t a a t t a g t t t a g t t t g t g g c t t c a t g g a a a 1320
c t c c c t g t a a a c t a a a a g c t t c a g g g t t a t g t c t a t g t t c a t t c t a t a g a a g a a a t g c a a 1380
a c t a t c a c t g t a t t t t t a a t a t t t g t t a t t c t c t c a t g a a t a g a a a t t t a t g t a g a a g c a a 1440
15 a c a a a a t a c t t t t a c c c a c t t a a a a a g a g a a t a t a a c a t t t t a t g t c a c t a t a a t c t t t t 1500
g t t t t t t a a g t t a g t g t a t a t t t t g t t g t g a t t a t c t t t t t g t g g t g t g a a t a a a t c t t t 1560
t a t c t t g a a t g t a a t a a g a a t t t g g t g g t g t c a a t t g c t t a t t t g t t t t c c c a c g g t t g t 1620
c c a g c a a t t a a t a a a a c a t a a c c t t t t t t a c t g c c t a a a a a a a a a a a g a g a a a g a a a a a 1680
a a a a g a a a a g a a a a a a a g g g g a g g g a g g g g a g 1712

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1273 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78:

```

a c c g c c c c c g c t g t g g g t c t c a g c a g t c t g g g c g g c g g g a g g g g t g g c a g c g g c a a g g c a 60
g c c c a g t t t c g c g a a g g c t g t c g g c g c g c c c g g g c c c g c a g g c a c c c g g c a c g c g c c t t c 120
c c c g a g g c a c c c g g c a c g c g c t t c c c c g c c g c c a c g a t g c c c a a g a g g a a g g t c a g c t 180
c c g c c g a a g g g c c g c c a a g g a a g a g c c c a a g a g g a g a t c g g c g c g g t t g t c a g c t a a a c c 240
t c c t g c a a a a g t g g a a g c g a a c c g a a a a a g g c a g c a g c g a a g g a t a a a t c t t c a g a c a a a 300
a a a g t g c a a a c a a a a g g g a a a a g g g g a g c a a a g g g a a a a c a g g c c g a a g t g g c t a a c c a a 360
g a a a c t a a a g a a g a c t t a c c t g c g g a a a a c g g g g a a a c g a a g a c t g a g g a g a g t c c a g c c 420
t c t g a t g a a g c a g g a g a g a a a g a a g c c a a g t c t g a t t a a t a a c c a t a t a c c a t g t c t t a t 480
c a g t g g t c c c t g t c t c c c t t c t t g t a c a a t c c a g a g g a a t a t t t t t a t c a a c t a t t t t g t 540
a a a t g c a a g t t t t t t a g t a g c t c t a g a a a c a t t t t t a a g a a g g a g g g a a t c c c a c c t c a t 600
55 c c c a t t t t t t a a g t g t a a a t g c t t t t t t t t a a g a g g t g a a a t c a t t t g c t g g t t g t t t a t 660
t t t t t g g t a c a a c c a g a a a a t a g t g t g g g a t a t t g a a t t a t g g g a g g c t c t g a c t g t c t c 720

```

```

5 ggggtgtcagc ttaacattcc acagatgggg ggtaggtttt tatatccctat aatacaaaagc 780
 atattaatg gcaatatgga gtcagtcctg catttaatgt cttgaacatt ttaaattact 840
 tctattacca tgttggtttt tagtagaatt gtttcctaaa gaaaaccact ctttgatcat 900
 ggctctctct gccagaattg tgtgcactct gtaacatctt tgtggtagtc ctgttttctt 960
10 aataactttg ttactgtgct gtgaaagatt acagatttga acatgtagtg tacgtgctgt 1020
 tgagtgtga actggtgggc cgtatgtaac agctgaccaa cgtgaagata ctggtacttg 1080
 atagcctctt aaggaaaatt tgcttccaaa ttttaagctg gaaagtcact ggaataactt 1140
 taaaaaagaa ttacaataca tggcttttta gaatttcgtt acgtatgtta agatttgtgt 1200
 acaaatgaa atgtctgtac tgatcctcaa ccaataaaat ctgagttatg aaaataaaaa 1260
10 aaaaaaaaaaaa aaa 1273

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

## 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2342 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79:

```

 cctcggacca ccggactggc ctggggcggg acgtgggcgc gggggcgcg cgtgcggcac 60
 gctgcagggc tgaagcggcg gcggcggttg ggactgcac tagcccggcg ctcggcattg 120
 ctctcctggt gctcggctcg gtgagctgta ccttctttct ggcaagtgaat ggctctgatt 180
40 cctctagtga tgatgtgac gaattaaact catcaaatct caaccgagaa gttattcaga 240
 gtgatagttt gtggcttgta gaattctatg ctccatggtg tggctactgt caaagattaa 300
 caccagaatg gaagaaagca gcaactgcat taaaagatgt tgtcaaagtt ggtgcagttg 360
 atgcagataa gcatcattcc ctaggaggtc agtatggtgt tcagggattt cctaccatta 420
 agatttttgg atccaacaaa aacagaccag aagattacca aggtggcaga actggtgaag 480
45 ccattgtaga tgctgcgctg agtgctctgc gccagctcgt gaaggatcgc ctcgggggac 540
 gaagcggagg atacagttct ggaaaacaag gcagaagtga tagttcaagt aagaaggatg 600
 tgattgagct gacagacgac agctttgata agaattgttct ggacagtga gatgttgga 660
 tgggtgagtt ctatgctcct tgggtggtgac actgcaaaaa cctagagcca gattgggctg 720
 ccgcagcttc agaagtaaaa gagcagacga aaggaaaagt gaaactggca gctgtggatg 780
50 ctacagtcaa tcagggttctg gcctcccgat acgggattag aggatttcct acaatcaaga 840
 tatttcagaa aggcgagctc cctgtggatt atgacggttg gcggacaaga tccgacatcg 900
 tgtcccgggc ccttgatttg ttttctgata acgcccacc tcctgagctg cttgagatta 960
 tcaacgagga cattgccaa aggacgtgtg aggagcacca gctctgtgtt gtggctgtgc 1020
 tgccccatat ccttgatact ggagctgcag gcagaaattc ttatctggaa gttcttctga 1080
55 agttggcaga caaatacaaa aagaaaatgt ggggggtggc gtggacagaa gctggagccc 1140
 agtctgaact tgagaccgcg ttggggattg gagggtttgg gtaccccgcc atggccgcca 1200

```

```

tcaatgcacg caagatgaaa tttgctctgc taaaaggctc cttcagttag caaggcatca1260
acgagtttct caggagctc tcttttgggc gtggctccac ggcacctgta ggaggcggg1320
ctttccctac catcggttag agagagcctt gggacggcag ggatggcgag cttcccgtgg1380
aggatgacat tgacctcagt gatgtggagc ttgatgactt agggaaagat gagttgtgag1440
5 agccacaaca gaggcttcag accattttct tttcttggga gccagtggat tttccagca1500
gtgaagggac attctctaca ctacagatgac tctaccagtg gccttttaac caagaagtag1560
tacttgattg gtcatttgaa aacactgcaa cagtgaactt ttgcatctca agaaaacatt1620
gaaaaattct atgaattgtt gtagccggtg aattgagtcg tattctgtca cataatattt1680
tgaagaaaac ttggctgtcg aaacattttt ctctctgact gctgcttgaa tgttcttgga1740
10 ggctgtttct tatgtatggg ttttttttaa tgtgatccct tcatttgaat attaatggct1800
ttttccatta aagaataaaa tattttggac aatgccgata aatgtatgaa gttagtatcc1860
acatcataaa ttcagagtga tgtttagcag taaatcaata ttttgaagtg atacacagat1920
gtctttcctc ccacaaact tttttaaaca aaaaaaaga cctcttttct ttagatgggt1980
ccacctatgc ccaccacaac agagatttta catggaaacc gggctcagtg agaactgatt2040
15 tcctgcccaa ttttgtctt tgggctgtct ctagtacta attattaagg aatctagctg2100
gttatacagt tcaaggcttt ctatgtgtt aatgaacctc aaaatagccg ttaagacatg2160
aaatacagca gcaggttacc aatgcgaaca ggtagttcgc atttatgtaa aacattcaga2220
aatgaagt tttgaattgt tggaaacatt aaaggacttg agagcatttt attgtaactt2280
aaaaaaataa atacaactgt cactaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa2340
20 aa 2342

```

## 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 80:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- 25 (A) LÄNGE: 1959 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:
- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80:
- 45
- ```

gcagttatat aataagtttg ggagacaaaa tgatacgcac acgagagaag atgaagaaga 60
tactcaaagt tccaaatctg aagaacatca tttgtactct aatccaatca aagaagaaat 120
gactgagtct aagttctcta agtactctga aatgagttag gaaaaacgag ccaaacttcg 180
tgaatttag ctcaaagtta tgaagtttca ggatgaattg gaatctggga aaagacctaa 240
50 aaaaccaggc cagagttttc aggagcaagt agaactact agagataaac ttcttcaacg 300
agagaaagag aaagagttag aaagagaacg agaaagagac aagaaagata aagaaaaatt 360
ggaatctcgc tccaaagaca agaaggaaaa agatgagtgt actccgacaa ggaaggaaag 420
gaagaggcga cacagtacat cccccagccc atctcgagc agcagtggta gacgagtga 480
atccccatca ccaaaatcgg agcgatcaga gcgttcagaa agatctcata aagagagctc 540
55 acggtccagg tcatctcaca aagattctcc tagagatgtt agcaaaaaag ccaaaagatc 600
accatctggg tcaaggacac ctaaaaggtc taggcgatca cggctagat ctcttaaaaa 660

```



```

atcaggaaaag aagtccagat cccagtcag atctccacac aggtctcata aaaagtcaaa 720
gaaaaacaaa cactgacgta aatttttaag atgctgtcac ttattggaaa tgcgatttgt 780
tttgtgcctg aacggtctgt tttttaaaaa aacaaaaaat caaatgaaag agcattcctg 840
gggttttttg tttgtttgtg tatgcatgtg taaactcatg agcaactgca tctgtagatc 900
5 tgtcatttgtt ttatattgtg taaattactt tcattgtggc tatttctcaa gatgaaattt 960
ttattgttct aatggatttc atcagaaatg tgtataatgg atctgctgac agtagtagta 1020
ttttgtttta ggatgttgtg acttagcaaa aataatacag atgtcttccc cccttttgtg 1080
gctttgacaa tttgaattag atttcaaata aaatctgaac agaaaactat aatgttgttt 1140
ttttgcccc aagggtgatat taagtcctt aaagtcctac tgagtttcac actactgttg 1200
10 tgcctcttat acctgatgca ctttataagc cccagtggtc aagtagctta agttttatat 1260
ttactaagat gactatccaa attaaggagc ctgagactcc tatttggtgg ttgctaacc 1320
atttgctttt gataagtttc tcttgggtaa tactaatacc cagatatcaa agactaggt 1380
gatatggcat ggcgttttgt tagtggaatg cctggctaaa acattttttt cacagaagca 1440
atatgatttc catatccca accatgttc tgagcaacta cttactttta gggggaaatt 1500
15 aaatatcttt tcatttcctc ttctattatg aaagaagttt atttgtaaaa caaattttct 1560
aacaggttt ggccatagaa ttctcttgta tgattgttga ccttttataa tcttctgtag 1620
gctatctttc aaacactggc atcagaatat tttttataag tttgtgttta aacagcttag 1680
ttggtcccc ccccaactcc caagagactt gggtttagtt atagctttaa gtaaaattta 1740
aaaataaaat gtttttcagg aaacttcgta tctaattggt tgtaaaattca aggtgcaaaa 1800
20 agttgattta aaccatttgc agagttgaac tctattatga aaataaattt gctacgggt 1860
gaaggaagaa taaaacttgt gtaatgttgg tcataaata gctataaata taataaagg 1920
ttatgtagaa ttgaactgac aaaaaaaaa aaaaaaaaa 1959

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3708 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81:

```

gcccctatta tcacgcacgg tagacaagct ttttttttt tttttttta cagcttataa 60
cacaactttt attagaaaag ttatacataa catagcatca actattttca agaacaatat 120
50 taaaccgat aagcaacaaa aaccagacta acaaaatgtg taacaagaaa ctaatgacct 180
ttctaaaatc aaacattcaa ttatctacaa tgtcttttta caaacgggga aaactccttg 240
gtttacaggc acatcatatt gaataataag ctgcaatagc aattttatac aattaccact 300
ctgaagaaac tgaatcatta aaacagtaac tacgagttca caaatttaaa acatttcaca 360
taatttttaa ttattgggta tacactgaag tctgagtttc aaaagtgatt tttttttccc 420
55 acaaaagttt caacacttaa gctagaactt tcagtgttaa ctttgcctta aaaagttaag 480
acatattctg ataatacata cagtcacatg atttctgatg ctatctggtc tgtaataaat 540

```

```

aaagtcttta tttggatgta tttttcttca attaaattac aggaaactgg atataggatt 600
tegttgeaac getattaaag ttccaaacca ggagtgtgca gcactggaaa aggagatcag 660
tactaaaaact tacaataaat atcagagaag ccgttagttt ttacagcatc gtctgcttaa 720
aagctaagtt, gaccaggtgc ataatttccc atcagctctgt ccttgtagta ggcagggcaa 780
5 tttctgtttt catgatcgga atactcaa atatccaaac atctttttaa aactttgatt 840
tatagtctct agaaagtat gtttttaaat agtcactcta ctctaatacag gcctagcttt 900
gctcattttg gagcctcact aaaataacag atttcagtat agccaagttc atcagaaaga 960
ctcaaatgga atgatttaca aaatagaaca ctttaaacca ggtcagtcct atcttttgtt 1020
agctgaaggc tatcagtcac aacacaattt cgcgtacacc tctgctcatt atggaattac 1080
10 acttaaaacg aatctcaaga ggggtgacat tgtgttttca gataccatcc ctaaggagag 1140
tggttaacag gaagattgcc agtggtactg atggaaagaa gtgtttgttt gttttttttt 1200
cttgtcaaa g acttacacca tagttttaaa ttaaactgtc aggcattttc tcagacaggt 1260
tttcttttcc aatgcagtaa tgaagaacta agataaaaaat catgactttt gactgccact 1320
caacattatt acatgcacca atattgcaca catctgttct gaactgttaa aatcatcttc 1380
15 tgagtcttg ggggtgctgtt ttctccatca gaacacaaac acaaccatc taatcagttt 1440
ccctcaaaga tgaattgac aaatttaag tactggaaaa aaatgaagaa ggaaaaaggc 1500
aaagactttg tacagacaaa aatctaagtt ttctcaaagg gttctgtgtc ccctacacat 1560
gggggcaatt tgtaagcact agtgaatcaa acactagcta taatgcttct agctccttat 1620
ataatatgga accttggtcc aggtgtgtgc atgatgtcac tgtacgggtc ttctgtgtc 1680
20 agctcaatag cttgtgctt ttaagaacc aagaagctgt agaactttgc ggcagctgtt 1740
tttctgttcg ttttctgaca taactcaagc aaactgatag attcagctcc agttttagca 1800
agagcacgct gaagaccatg aagcatctgc tgagtcttt tgttccatct tctttcttcc 1860
tgatcttgat cgtcccttga tgcattctca tctcttctc cttcatcatc tcttttttcc 1920
25 ttctctttct cctctcttt ttctggcaga agttctaact ctggtattag ctgacagata 1980
tttgagggtt cttctgggg aagctctaca ggtggtattt cccatctgct ctgggtcaat 2040
ttgtccagct ttctcttaa cctccgtagg tgggtgggga ggcataagct actcatctat 2100
gtttgttctg ctggcctcca tcaactgact ctggaggcgg cttggctctt caataatggg 2160
ctcatcgata acatcacgct gctgatgctg ctggtgctgg tctctctag gaacctctgg 2220
30 attttcaaat tctttgagga attcatccaa attatctgcc tctcctcct tctcctttt 2280
tctaaggctt tctggtacaa gcggtgtaag acagcgtgta aagagcttca gtagtctgtt 2340
attccacaaa ggctgagcag gtaaaagaaa cagtttttct actcctcctg tctctttcca 2400
catccaat tcttgggtg cgggtgccaga tccaaagtag taacaatc tgaataatca 2460
ctaagttggg ctctaattgt cttgtctatc aactcttga cactgtcaac aattagcttc 2520
ctcttctct tggcttttgt ttctttaaca gttatatcaa taggctccaa tgcaaatgct 2580
35 tcttctcat ttggaacaag tgttgtttga tcagtcatgg ttggcattgg ttcaacggga 2640
tccactgaat caggactatc aggccacccc attgatacat tatcatctc atccatctc 2700
tcatgtgcag gctgctctgg caacatcacc cctgcctcag agagggcagg gggatcatca 2760
aagataaccg catcattatt actaataagt ttgtcatcta atattccacc atcatttctc 2820
tctccaaaat tatcatcctt atattgatct tcatattcta aatggttaat ttctcattc 2880
40 agattgctgg tgcctgttcc agactcta at agggaggttag aagtagtagt gcttactaac 2940
atgtcgtcat cctcaaaagc actgccttct ctcatctat cacgatcatc cattccaaa 3000
tcaccaa aat cttttcttg taaaatactg atgttcccaa cttcttctct catggttatc 3060
tcttccactc tactctgatt caagctgaac tgcgtggcca catcgatgtc atctaagtca 3120
ggcagtggt gatcaaagtc atgaaattct tcaggtaaa g taatggcatt ataagctgtc 3180
45 tcccatttt cctcaggcag gtcaaccaca cctgccgaa aagccatctt tatcttaatg 3240
aatgcttcat tacagtctgc aagaaggat ttggctttcc tgtgatagat tcgaactact 3300
cccagtaaga gatgtcctga tgtccgtaat gccattttta cctttggtga gatgatactc 3360
ttccacgctg ctctctaaat tacactcgaa cacatgggct ttggttagct tcttatccca 3420
atgggcccgt agccaaattc ttgccagagg cctcttttta ctgagaacaa aatgtgcgt 3480
50 gaacattgtt ctggctggct atgaaaacag aagaaaacct tgctctccgc tgggagttgg 3540
gcgggctggg tggccggggg aggggaaaa ggtcggggga ggggggtggg aaagggggga 3600
gcccttgca ggtgtagctt ccgagcagct ccccgccccc cacagccggc gcctccttcc 3660
cgattcactc aaacaaacaa gatggctgcc gttaaccgc ggctcttc 3708

```

55 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3045 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

60

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82:

gtccattgcc caaaatccgc tatgaaagct tgaccaatcc ccagtaaatt agacctctgg 60
20 gaaaagagct gccatattac ccatacccca aacaaccaag atcgaactct cactattgtg 120
gatactggaa ttggaatgac caagcgtgac ttgatcaata accttggtac tatcgccaag 180
tctgggacca aagcgttcat ggaagctttg caggctggtg cagatatctc tatgattggc 240
cagttcgggtg ttggttttta ttctgcttat ttggttgctg agaaagtaac tgtgatcacc 300
aaacataacg atgatgagca gtacgcttgg gactcctcag cagggggatc attcacagtg 360
25 aggacagaca caggtgaacc tatgggtcgt ggaacaaaag ttatcctaca cctgaaagaa 420
gaccaaactg agtacttgga ggaacgaaga ataaaggaga ttgtgaagaa acattctcag 480
tttattggat atcccattac tctttttgtg gagaaggaac gtgataaaga agtaagcgat 540
gtgaggctg aagaaaagga agacaaagaa gaagaaaaag aaaaagaaga gaaagagtcg 600
gaagacaaac ctgaaattga agatgttggt tctgatgagg aagaagaaaa gaaggatggg 660
30 gacaagaaga agaagaagaa gattaaggaa aagtacatcg atcaagaaga gctcaacaaa 720
acaaagccca tctggaccag aaatcccagc gatattacta atgaggagta cggagaattc 780
tataagagct tgaccaatga ctgggaagat cacttggcag tgaagcattt ttcagttgaa 840
ggacagttgg aattcagagc ctttctattt gtccacgac gtgctccttt tgatctggtt 900
gaaaacagaa agaaaaagaa caatatcaaa ttgtatgtac gcagagtttt catcatggat 960
35 aactgtgagg agctaattcc tgaatatctg aacttcatta gaggggtggg agactcggag1020
gatctccctc taaacatata ccgtgagatg ttgcaacaaa gcaaaatttt gaaagttatc1080
aggaagaatt tggtaaaaa atgcttagaa ctctttactg aactggcgga agataaagag1140
aactacaaga aattctatga gcagttctct aaaaacataa agcttggaa acacgaagac1200
tctcaaaatc ggaagaagct ttcagagctg ttaagtgact acacatctgc ctctggtgat1260
40 gatattggtt ctctcaagga ctactgcacc agaattgaagg agaaccagaa acatatctat1320
tatatcacag gtgagaccaa ggaccaggta gctaactcag cctttgtgga acgtcttcgg1380
aaacatggct tagaagtgat ctatatgatt gagccattg atgagtactg tgtccaacag1440
ctgaaggaat ttgaggggaa gacttttagt tcagtcacca aagaaggcct ggaacttcca1500
gaggatgaag aagagaaaaa gaagcaggaa gagaaaaaaa caaagtttga gaacctctgc1560
45 aaaatcatga aagacatatt ggagaaaaaa gttgaaaaag ttggttggtc aaaccgattg1620
gtgacatctc catgctgtat tgtcacaagc acatatggct ggacagcaaa catggagagac1680
atcatgaaag ctcaagccct aagagacaac tcaacaatgg gttacatggc agcaaaagaaa1740
cacctggaga taaaccctga ccattccatt attgagacct taaggcaaaa ggcagaggct1800
gataagaacg acaagtctgt gaaggatctg gtcattctgc tttatgaac tgcgctcctg1860
50 tcttctggct tcagtctgga agatccccag acacatgcta acaggatcta caggatgatc1920
aaacttggtc tgggtattga tgaagatgac cctactgctg atgataccag tgctgctgta1980
actgaagaaa tgccaccctt tgaaggagat gacgacacat cacgcatgga agaagtagac2040
taactctctg ctgagggatg acttacctgt tcagtactct acaattcctc tgataatata2100
ttttcaagga tgtttttctt tatttttgtt aatattaaaa agtctgtatg gcatgacaac2160
55 tactttaagg ggaagataag atttctgtct actaagtgat gctgtgatac cttaggcact2220
aaagcagagc tagtaatgct ttttgagttt catgttggtt tattttcaca gattggggta2280
acgtgcactg taagacgtat gtaacatgat gttaactttg tgtggtctaa agtggttagc2340
tgtcaagccg gatgcctaag tagaccaa atctgttattg aagtgttctg agctgtatct2400

```

tgatgttttag aaaagattc gttacatctt gtaggatcta ctttttgaac ttttcattcc2460
ctgtagttga caattctgca tgtactagtc ctctagaaat aggttaaact gaagcaactt2520
gatggaagga tctctccaca gggcttggtt tccaaagaaa agtattgttt ggaggagcaa2580
agttaaaagc ctacctaaagc atatcgtaaa gctgttcaaa aataactcag acccagtcct2640
5 gtggatggaa atgtagtgtc cgagtcacat tctgcttaaa gttgtaacaa atacagatga2700
gttaaaagat attgtgtgac agtgtcttat ttagggggaa aggggagtat ctggatgaca2760
gtagtgcca aaatgtaaaa catgaggcgc tagcaggaga tggtaaaaca ctagctgtc2820
caaggggtga catggtcttc ccagcatgta ctacagcagg gtgggggtgga gcacatgtag2880
gcacagaaaa caggaaatgca gacaacatgc atcccctgcg tccatgagtt acatgtgttc2940
10 tcttagtgtc caggttggtt tgatgttatt catggaatac cttctgtgct aaatacagtc3000
acttaattcc ttggccaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaa 3045

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2815 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83:

```

cagtggcggc gcaaccagcc ttctaggcgc gcggaggagt ggagtcaaca tatcaatgga 60
gcaagtcaca gtcgtcgatg ccagcttctt ctgaaatct acccagaatg gaatcctgac 120
aatgatacag gacacacaat gggatgatcca ttcattgtgc agcagcttac aaatccagca 180
40 ccaggaaattc tgggacctcc acctccctca tttcatcttg ggggaccagc agttggacca 240
agaggaaatc tgggtgctgg aaatggaaac ctgcaaggac ctacacacat gcagaaaggc 300
agagtggaaa ctacagagat tgttcacatc atggattttc aacgagggaa aaacttgaga 360
taccagctat tacagctggt agaaccattt ggagtcattt caaatcatct gattctaaat 420
aaaattaatg aggcatttat tgaattggca accacagagg atgctcaggc cgcagtggat 480
45 tattacacaa ccacaccagc gttagtattt ggcaagccag tgagagttca tttatcccag 540
aagtataaaa gaataaagaa acctgaagga aagccagatc agaagtttga tcaaaagcaa 600
gagcttgagc gtgtgatata tctcagcaat ttgccgcatt ctggctattc tgatagtgtc 660
gttctcaagc ttgctgagcc ttatgggaaa ataaagaatt acatattgat gaggatgaaa 720
agtcaggctt ttattgagat ggagacaaga gaagatgcaa tggcaatggt tgaccattgt 780
50 ttgaaaaaag ccctttggtt tcaggggaga tgtgtgaagg ttgacctgtc tgaaaaatat 840
aaaaaactgg ttctgaggat tccaaacaga ggcattgatt tactgaaaaa agataaatcc 900
cgaaaaagat cttactctcc agatggcaaa gaatctccaa gtgataagaa atccaaaact 960
gatgggtccc agaagactga gagttcaacc gaagtaagaa acaagaagag aagtcgggtg 1020
aagatggtga gaaagacaca aaggatgacc agacagagca ggaacctaat atgcttcttg 1080
55 aatctgaaga tgagctactt gtagatgaag aagaagcagc agcactgcta gaaagtggca 1140
gttcagtggg agacgagacc gatcttgcta atttaggtga tgtggcttct gatgggaaaa 1200

```

```

5  aggaaccatc agataaagct gtgaaaaaag atggaagtgc ttcagcagca gcaagaaaa1260
   agcttaaaaa ggtggaacaag atcgaggpac ttgatcaaga aaacgaagca gcgttggaal320
   atggaattad aaatgaggaa aacacagaac cagggtgctga atcttctgag aacgttgatg1380
   atccaacaa agatacaagt gaaaacgcag atgggtcaaag tgatgagaac aaggacgact1440
10 atacaatccc agatgagtat agaattggac catatcagcc caatgttcct gttggtatag1500
   actatgtgat acctaagaac ggggttttact gtaagctgtg ttcactcttt tatacaaatg1560
   aagaagttgc aaagaatact cattgcagca gccttcctca ttatcagaaa ttaagaaaat1620
   ttctgaataa attggcagaa gaacgcagac agaagaagga aacttaagat gtgcaaggag1680
   atttaatgat ttcaaagaaa ataattggtt tttgttttta atgttaacct tttttaata1740
15 caatactgat agttagaaga aaactattgt actcttttgt tttagtggag aaataataga1800
   tgtctgttca tgtgttaagt gttatagcaa aaaaaataca catatggtta agttaatga1860
   tagtttttgt tttatcagaa tggcaacaga cagaagtact ttgtagagat tgacttccta1920
   agctacttaa gacaacttgc accactaaga aaaaaatgta gaaccatttg gaaaaatga1980
   atttagtagt tccaagtctt aaagaaatgt caacatttta ttccattcaa taaagaacaa2040
20 aaccaatagt gtttttatta ctttcatctg aaacattcca tgttttaatc tgagccttgc2100
   agactttcat ttggagtgtt aaccggtttt gggtgcattt ctttttggga gaacttaatt2160
   aaçgtgagat tggcaattga aatgcagggtg cagttttctg ttaatgtcat gctgttgtt2220
   aggtaataag aaatattaag taattgortt tagattttgt aatttttttc cctgagttcc2280
   tgctagattt cgtattctag tagtcaatgt attttcagtg aaatgcaaaa atattcccat2340
25 tatctttgac cagtattaat ttttgagatc ttactgcttg tcacttgaat cccgtgattg2400
   tcatacatct ctggtataag caacatttga tttttgaagt gtgtagacca tctcttcata2460
   ttttcaagat gtaattttac atttctgcat ttttaaaaca gtttggccat aatcctagat2520
   gcacgcttct aattcatgta cctgcacatg tgacctttgt gaacagaaat ttgcatgtat2580
   aatttgtgtt tacttgtaac tttctggtta tatactgctt atatctgtgg attcaagtta2640
30 ctgaagtga aaccaataaa aagaaaaccc taggccatgt taattggta tacatgtttg2700
   gaatgttaac caaaaaaaa aacagttgtg gtttttattc gctcttaaac tttgtgcatg2760
   ctttaacaat ttatcgcttt taaatctaga gtgaattcct aaagagctgc cgcta 2815

```

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3462 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84:

```

55 ctggatcgta caagaaggga gacaaggacc actgacaaga taaggcctag caggaaacga 60
   agcggtcttt tccgctatct gccgcttgct caccggaagc gagttgagac acggcaggtt 120
   cccgcccgga agaagcgacc aaagcgcttg aggaccggca acatgggtgc gtcggggaat 180

```

```

aaggcagctg ttgtgctgtg tatggacgtg ggctttacca tgagtaactc cattcctggt 240
atagaatccc catttgaaca agcaaagaag gtgataacca tgtttgatga gcgacaggtg 300
tttgcctgaga acaaggatga gattgcttta gtccctgttg gtacagatgg cactgacaat 360
cccctttctg gtgggatca gtatcagaac atcacagtgc acagacatct gatgctacca 420
5 gattttgatt tgctggagga cattgaaagc aaaatccaac caggttctca acaggtgac 480
ttcctggatg cactaatcgt gagcatggat gtgattcaac atgaaacaat aggaaagaag 540
tttgagaaga ggcatattga aatattcact gacctcagca gccgattcag caaaagtcag 600
ctggatatta taattcatag cttgaagaaa tgtgacatct ccctgcaatt cttcttgctt 660
ttctcacttg gcaaggaaga tggaagtggg gacagaggag atggcccctt tcgcttaggt 720
10 ggccatgggc cttcctttcc actaaaagga attaccgaac agcaaaaaga aggtcttgag 780
atagtgaaaa tggatgatg atctttgaga ggtgaagatg gggtggatga aattttattca 840
ttcagtgaag gtctgagaaa actgtgcgtc ttcaagaaaa ttgagaggca ttccattcac 900
tgccctgcc gactgaccat tggctccaat ttgtctataa ggattgcagc ctataaatcg 960
attctacagg agagagttaa aaagacttgg acagttgtgg atgcaaaaac ctaaaaaaa1020
15 gaagatatac aaaaagaagc agtttattgc ttaaagtatg atgatgaaac tgaagtttta1080
aaagaggata ttattcaagg gttccgctat ggaagtata tagttccttt ctctaaagtg1140
gatgaggaac aaatgaaata taaatcggag gggaagtgc tctctgtttt gggattttgt1200
aatcttctc aggttcagag aagattcttc atgggaaatc aagttctaaa ggtctttgca1260
gcaagagatg atgaggcagc tgcagttgca ctttctctcc tgattcatgc tttggatgac1320
20 ttagacatgg tggccatagt tcgatatgct tatgacaaaa gagctaatac tcaagtcggc1380
gtggcttttc ctcatatcaa gcataactat gagtgtttag tgtatgtgca gctgcctttc1440
atggaagact tgcggcaata catgttttca tccttgaaaa acagtaagaa atatgctccc1500
accgaggcac agttgaatgc tttgatgact ttgatgact ccatgagctt ggcaagaaga1560
gatgagaaga cagacacct tgaagacttg tttccaacca ccaaaatccc aaatcctcga1620
25 tttcagagat tatttcagtg tctgctgcac agagctttac atccccggga gcctctaccc1680
ccaattcagc agcatatttg gaatatgctg aatcctccc ctgaggtgac aacgaaaagt1740
cagattcctc tctctaaaat aaagaccctt tttcctctga ttgaagccaa gaaaaaggat1800
caagtgaactg ctcaggaaat tttccaagac aaccatgaag atggacctac agctaaaaaa1860
30 ttaaagactg agcaaggggg agcccacttc agcgtctcca gtctggctga aggcagtgtc1920
acctctgttg gaagtgtgaa tcctgctgaa aacttcctg tttcagttaa acagaagaag1980
gccagctttg aggaagcgag taaccagctc ataatcaca tcgaacagtt tttggatact2040
aatgaaacac cgtattttat gaagagcata gactgcatcc gagccttccg ggaagaagcc2100
attaagtttt cagaagagca gcgctttaac aacttctctg aagcccttca agagaaagt2160
gaaattaaac aattaaatca tttctgggaa attgttgtcc aggatggaat tactctgac2220
35 accaaagagg aagcctctgg aagttctgtc acagctgagg aagccaaaaa gtttctggcc2280
cccaaagaca aaccaagtgg agacacagca gctgtatttg aagaaggtgg tgatgtggac2340
gattttattg acatgatata ggtcgtggat gtatggggaa tctaagagag ctgccatcgc2400
tgtgatgctg ggagtcttaa caaaacaagt tggatgcggc cattcaaggg gagccaaaat2460
ctcaagaaat tcccagcagg ttacctggag gcggatcatc taattctctg tggatgaat2520
40 acacacatat atattacaag ggataattta gaccccatat aagtttataa agagtcatg2580
ttattttctg gttggtgtat tattttttct gtggtcttac tgatctttgt atattacata2640
catgctttga agtttctgga aagtagatct tttcttgacc tagtatatca gtgacagttg2700
cagcccttgt gatgtgatta gtgtctcatg tggaaacctg gcatggttat tgatgagttt2760
cttaaccctt tccagagtcc tcctttgcct gatcctccaa cagctgtcac aacttgtgtt2820
45 gagcaagcag tagcatttgc ttcctcccaa caagcagctg ggtaggaaa accatgggta2880
aggacggact cacttctctt tttagttgag gccttctagt taccacatta ctctgcctct2940
gtatataggt ggttttcttt aagtggggtg ggagggggag cacaatttcc cttcatactc3000
cttttaagca gtgagttatg gtggtgtgtc catgaagaaa agacctttg gcccaatctc3060
tgccatatca gtgaaccttt agaaactcaa aaacagagaa atttactaca gtagttagaa3120
50 ttatatcact tcaactgtct ctacttgcaa gcctcaagaa gagaaagttt cgttatatta3180
aaacacttag gtaacttttc ggtctttccc atttctacct aagtcagctt tcatctttgt3240
ggatggtgtc tcctttacta aataagaaaa taacaaagcc cttattctct tttttctgtg3300
tcctcattct tgccttgagt tccagttcct ctttgggtga cagacttctt ggtaccagct3360
cacctctgtc ttcagcacc tcataagtcg tcactaatat acagttttgt acatgtaaca3420
55 ttaaaggcat aatgactca aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 3462

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 668 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85:

```
20 atagggccgg tgctgcctgc ggaagccggc ggctgagagg cagcgaactc atctttgccca 60
   gtacaggagc tcgtgccgtg gccacagcc cacagcccac agccatgggc tgggacctga120
   cggatgaagat gctggcgggc aacgaattcc aggtgtccct gagcagctcc atgtcgggtgt180
   cagagctgaa ggccgagatc acccagaaga tcggcgtgca cgccttcag cagcgtctgg240
   ctgtccaccc gagcgtgtg gcgtgcagg acaggggtccc ccttgccagc cagggcctgg300
25 gccccggcag caggttcctg ctggtggtgg acaaatgcga cgaacctctg agcatcctgg360
   tgaggaataa caaggccgc agcagcacct acgaggtgcg gctgacgcag accgtggccc420
   acctgaagca gcaagtgagc gggctggagg gtgtgcagga cgacctgttc tggctgacct480
   tcgaggggaa gccctggag gaccagctcc cgctggggga gtacggcctc aagcccctga540
   gcaccgtgtt catgaatctg cgcctgcggg gaggcggcac agagcctggc gggcggagct600
30 aagggcctcc accagcatcc gagcaggatc aaggcccgga aataaaggct gttgtaaaga660
   gaaaaaaaa 668
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
(A) LÄNGE: 671 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86:

```

5  ggaaaccggg ctcatggaac tcgcctgcag ctcttggggt tttgtggct tccttcgtta 60
   ttggagccag gcctacaccc cagcaacat gtccaaggga cctgcagttg gtattgatct 120
   tggcaccacc tactcttggt tgggtgtttt ccagcacgga aaagtcgaga taattgccaa 180
   tgatcaggga aaccgaacca ctccaagcta tgcgccttt acggacactg aacggttgat 240
   cggatgatgcc gcaaagaatc aagttgcaat gaacccacc aacacagttt ttgatgccaa 300
10 acgtctgatt ggacgcagat ttgatgatgc tgtgtccag tctgatatga aacattggcc 360
   ctttatgggtg gtgaatgatg ctggcaggcc caaggtccaa gtagaataga agggagagac 420
   caaaagcttc tatccagagg aggtgtcttc tatgggtctg acaaagatga aggaattgc 480
   agaagcctac cttggaaga ctgttaccaa tgcttggtgt cacagtcca gcttacttta 540
   atgactctca gcgtcaggct accaaaagat gctggagact attgatggc tgcaatgtac 600
15 tttaggaatt atttaatgga gccaaacttg tgcttgtaa tttctttacg ggtttgggca 660
   aaaaaagggt t                                     671

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1108 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88:

```

   agtggaggag ggagagacgc tggcccgga cccgaggggc gtgggcatcg ggaggcgggc 60
   ccgggttagg ggcgggaccg ccgcctgggt aaagcgctt atttcccagg cagccgctgc 120
   agtcgccaca cctttgcccc tgcctgcgat accctgtcgc cacttctgct tcggacgtcc 180
45 ccacggcggc ggtgcaggcg tccctctgc aagcgtaga cttcttggg aatgggccac 240
   cagttaacta caagacaggc aatctatacc tgcgggggcc cctgaagaag tccaatgcac 300
   cgcttgctca tgtgaccctc tactatgaag cactgtcggg tggctgccga gccttcctga 360
   tccgggagct cttccaaca tggctgttgg tcatggagat cctcaatgtc acgctggtgc 420
   cctacggaaa cgcacaggaa caaaatgtca gtggcagggt ggagtcaag tgccagcatg 480
50 gagaagagga gtgcaaatc aacaagtggt aggcctgcgt gttggatgaa cttgacatgg 540
   agctagcctt cctgaccatt gtctgcatgg aagagtttga ggacatggag agaagctgc 600
   cactatgcct gcagctctac gcccagggc tgcgccaga cactatcatg gagtgtgcaa 660
   tgggggaccg cggcatgcag ctcatgcacg ccaacgcca gcggacagat gctctccagc 720
   caccgcacga gtatgtgcc tgggtcaccg tcaatgggaa acccttgaa gatcagacc 780
55 agctccttac ccttgtctgc cagttgtacc agggcaagaa gccggatgtc tgcccttct 840

```


caaccagctc cctcaggagt gtttgcttca agtgatggee ggtgagctgc ggagagctca 900
 tggaaggcga gtgggaaccc ggctgcctgc ctttttttct gatccagacc ctccgcacct 960
 gctacttacc aactggaaaa ttttatgcat cccatgaagc ccagataaac aaaattccac1020
 cccatgatca agaattcctgc tccactaaga atggtgctaa agtdaaaacta gtttaataag1080
 5 cccaaaaaaa aaaaccgcgt cggtcgac 1108

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 10 (A) LÄNGE: 720 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 15 hergestellte partielle cDNA
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 20
- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:
 25
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89:

30 aaagcagccg ccggcgccgg gtgcctcaca gcacgctgcc acgccgacgc agaccctct 60
 ctgcacgccg gcccgcgccg acccaccatg gccacagttc agcagctgga aggaagatgg120
 cgcctggtgg acagcaaagg ctttgatgaa tacatgaagg agctaggagt gggaatagct180
 ttgcgaaaaa tgggcgcaat ggccaagcca gattgtatca tcacttgtaga tggtaaaaac240
 35 ctccaccataa aaactgagag cactttgaaa acaacacagt tttcttgtaga cctgggagag300
 aagtttgaag aaaccacagc tgatggcaga aaaactcaga ctgtctgcaa ctttacagat360
 ggtgcattgg ttcagcatca ggagtgggat gggaaggaaa gcacaataac aagaaaattg420
 aaagatggga aattagtggg ggagtgtgac atgaacaatg tcacctgtac tcggatctat480
 gaaaaagtag aataaaaatt ccatcatcac tttggacagg agttaattaa gagaatgacc540
 40 aagctcagtt caatgagcaa atctccatac tgtttctttc tttttttttt cattactgtg600
 ttcaattatc tttatcataa acattttaca tgcagctatt tcaaaagtgtg ttggattaat660
 taggatcatc ccttggtta ataaataaat gtgtttgtgc taaaaaaaaa aaaaaaaaaa720

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

- 45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 837 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 50 (D) TOPOLOGIE: linear
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90:

```
15  ctctcgcgag gattggctgt tagcggcggt gtagttaagc tcgtgtaacg gcggcgggtgt 60
    cggcagctgc tgtagcgaag agagtttggc gcgatgtctc acaccatttt gctggtacag120
    cctaccaaga ggcagaagg cagaacttat gctgactacg aatctgtgaa tgaatgcatg180
    gaagggtgtt gtaaaatgta tgaagaacat ctgaaaagaa tgaatcccaa cagtcctctct240
    atcacatatg acatcagtcg gttgtttgat ttcacgatg atctggcaga cctcagctgc300
20  ctgggtttacc gagctgatac ccagacatac cagccttata acaaaagactg gattaaagag360
    aagatctacg tgctccttcg tcggcaggcc caacaggcgg ggaaataatt gtgttggaag420
    cactgggggg gttgggggtg gcttgggaaca caggtgtgta cagcgtgctg tagtggaagt480
    tttgtatcat agtaatcctg tttccacttt gttatactc agccaagatt gactgtatta540
    gatgaaatgt gaggatcttg ttcaatcgga aaccccggtt acctcctctt tttctttctc600
25  tttctttttt tttttttact taaacatttt tatgatgatt tagatggaag ttgttcttcg660
    tcacttaatg ttggttccag tccttcaact gttcatatct actttataac attcacatac720
    taacccttct tcaagatggg gtggggggtg gaaatgcagt ttagccatgt cctcaagata780
    aagtcttggt aaaaataaat aaatgtcctt tagttataaa aaaaaaaaaa aaaaaaa 837
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 498 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91:

```

5  gtagggtcag cgtcggaggc ggtagtgcgc gtggcggttc cttgaggaag agtgagggtt 60
   ccaacttttc tgcttatctg ggaggtgttg ggcgcggaca gtcgagatgt cagagaaaaa 120
   gcagccggtg gacttaggtc tgttagagga agacgacgag tttgaagagt tccctgccga 180
   agactgggct ggcttagatg aagatgaaga tgcacatgtc tgggaggata attgggatga 240
   tgacaatgta gaggatgact tctctaataca gttacgagct gaactagaga aacatggtta 300
   taagatggag acttcatagc atccagaaga agtgttgaag taacctaaac ttgacctgct 360
   taatacattc tagggcagag aaccaggat gggacactaa aaaaatgtgt ttatttcatt 420
   atctgcttgg atttatttgt gtttttgtaa cacaaaaaa aaatgttttg atataaaaag 480
10 gaaagagaaa aattgcgcg                                     498

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1077 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92:

```

   cggtcgcagc tgggtacaaca gggcacacgt gtttcacgtt gacagggttg cttgggacgc 60
   tagtaaccat gggcttgctg acttagccaa agaagagtta agaagaaaat acacacaagt 120
   atacagactg ttcctagttt cttagactta tctgcatatt ggataaaata aatgcaattg 180
40  tgctcttcat ttaggatgct ttcattgtct ttaagatgtg ttaggaaatg caacagagca 240
   aggagaaaaa aggagtcctt ggaatcacat tcttagcaca cctacacctc ttgaaaatag 300
   aacaacttgc agaattgaga gtgattcctt tcctaaaagt gtaagaaagc atagagattt 360
   gttcgtattt agaatgggat cacgaggaaa agagaaggaa agtgattttt ttccacaaga 420
   tctgtaatgt tatttccact tataaaggaa ataaaaaatg aaaaacatta tttggatatc 480
45  aaaagcaaat aaaaacccaa ttcagtctct tctaagcaaa attgctaaag agagatgaac 540
   cacattataa agtaatcttt ggctgtaagg cattttcac tttccttcgc gttggcaaaa 600
   tattttaaaag gtaaaacatg ctgggtgaacc aggggtgttg atggtgataa gggaggaata 660
   tagaatgaaa gactgaatct tcctttgttg cacaaataga gtttggaata agcctgtgaa 720
   aggtgtcttc tttgacttaa tgtctttaaa agtatccaga gatactacaa tattaacata 780
50  agaaaagatt atatattatt tctgaatcga gatgtccata gtcaaatttg taaatcttat 840
   tcttttgtaa tatttattta tatttattta tgacagtga cattctgatt ttacatgtaa 900
   aacaagaaaa gttgaagaag atatgtgaag aaaaatgtat ttttcctaaa tagaaataaa 960
   tgatcccatt ttttggtaaa aaaaagtatg tgagatttat tcgtaaacgt gactacttta 1020
55  tttctaataa agagattccc tacctgcgct ctacaagcag ttcagaatgc catgcct 1077

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1755 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93:

25 cgcagggctg cttgtgatct ggtacgagga ttatgcaagt tttttgaggg acctgtgaca 60
 ggaatcttct ctggttatgt taattccatg ctgcaggaat acgcaaaaaa tccatctgtc 120
 aactggaac acaaagatgc agccatctac ctagtgcacat ctttggcatc aaaagcccaa 180
 30 acacagaagc atggaattac acaagcaaat gaacttgtaa acctaactga gttctttgtg 240
 aatcacatcc tccctgattt aaaatcagct aatgtgaatg aatttcctgt ccttaaagct 300
 gacggatatca aatatattat gattttttaga aatcaagtgc caaaagaaca tcttttagtc 360
 tcgatttcctc tcttgattaa tcattctcaa cgagggccta acaatgccac tctctttaca 420
 gctcatgctc ttgaacggct ctttactatg cgagggccta acaatgccac tctctttaca 480
 gctgcagaaa tcgcaccgtt tgttgagatt ctgctaaca accttttcaa agctctcaca 540
 35 cttcctggct cttcagaaaa tgaatatatt atgaaagcta tcatgagaag tttttctctc 600
 ctacaagaag ccataatccc ctacatccct actctcatca ctacgcttac acagaagcta 660
 ttagctgtta gtaagaaccc aagcaaacct cactttaatc actacatggt tgaagcaata 720
 tgtttatcca taagaataac ttgcaaagct aaccctgctg ctggttgtaa ttttgaggag 780
 gctttgtttt tgggtgtttac tgaaatctta caaaatgatg tgcaagaatt tattccatac 840
 40 gtctttcaag tgatgtcttt gcttctggaa acacacaaaa atgacatccc gtcttcctat 900
 atggccttat ttctcatct ctttcagcca gtgctttggg aaagaacagg aaatattcct 960
 gctctagtga ggcttcttca agcattctta gaacgcgggt caaacacaat agcaagtgc 1020
 gcagctgaca aaattcctgg gttactaggt gtctttcaga agctgattgc atccaaagca 1080
 aatgaccacc aaggttttta tcttctaacc agtataatag agcacatgcc tctgaatc 1140
 45 gttgaccaat ataggaaca aatcttcatt ctgctattcc agagacttca gaattccaal 1200
 acaaccaagt ttatcaagag ttttttagtc tttattaatt tgtattgcat aaaatatg 1260
 gcactagcac tacaagaat atttgatggt atacaacca aaatgtttgg aatggttttg 1320
 gaaaaaatta ttattcctga aattcagaag gtatctggaa atgtagagaa aaagatctgt 1380
 gcggttgcca taaccaaat actaacagaa tgtccccc aaatgtttgg aatggttttg 1440
 50 aaactgtgga ctccattatt acagtccttg attggtcttt ttgagttacc cgaagatgat 1500
 accattcctg atgaggaaca ttttattgac atagaagata caccaggata tcagactgcc 1560
 ttctcacagt tggcatttgc tgggaaaaaa gagcatgac ctgtaggtca aatggtgaa 1620
 aaccccaaaa ttcacctggc acagtcactt cacaagttgt ctaccgcctg tccaggaagg 1680
 gttccatcaa tggcaaagaa ctctgtgata aatggagact ttaatgggag ggcaaaagg 1740
 55 tagtagtagt tctgg 1755

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1545 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94:

```

25  gtccggcgag cgagcacctt cgacgcggtc cggggacccc tcgtcgtgt cctcccgcag 60
    cggaccgggt gccccaggct cgcgctgccc ggagggtgc tcgtgtccca ctcccggcgc 120
    acgctcccg cgagtcccg gccctccc cgccctctt ctggcgcg gcgcagatgg 180
    gcgccccgc aggtcctgc gtccgggtt ctgcttgccg cggcgacggc gacttttgcc 240
    gcagctcagg aagaatgtgt ctgtgaaaac tacaagctgg ccgtaaactg ctttgtgaat 300
30  aataatcgtc aatgccagtg tacttcagtt ggtgcacaaa atactgtcat ttgctcaaag 360
    ctggctgcc aatgtttggt gatgaaggca gaaatgaatg gctcaaaact tgggagaaga 420
    gcaaaacctg aaggggccct ccagaacaat gatgggcttt atgacctga ctgcgatgag 480
    agcgggctct ttaaggccaa gcagtgcac ggacctcca tgtgtggtg tgtgaacact 540
    gctgggttca gaagaacaga caaggacact gaaataacct gctctgagcg agtgagaacc 600
35  tactggatca tcattgaact aaaacacaaa gcaagagaaa aaccttatga tagtaaaagt 660
    ttgcggactg cacttcagaa ggagatcaca acgcgttatc aactggatcc aaaatttatc 720
    acgagtattt tgtatgagaa taatgttatc actattgatc tggttcaaaa ttcttctcaa 780
    aaaactcaga atgatgtgga catagctgat gtggttatt attttgaaaa agatgttaaa 840
40  ggtgaatcct tgtttcattc taagaaaatg gacctgacag taaatggga acaactggat 900
    ctggatcctg gtcaaaactt aatttattat gttgatgaaa aagcacctga attctcaatg 960
    cagggtctaa aagctggtgt tattgctgtt attgtggtt tggatgagc agttgttgct 1020
    ggaattgttg tgctggttat ttccagaaag aagagaatgg caaagtatga gaaggctgag 1080
    ataaaggaga tgggtgagat gcatagggaa ctcaatgcat aactatataa ttgaaagatt 1140
    atagaagaag ggaaatagca aatggacaca aattacaaat gtgtgtgcgt gggacgaaga 1200
45  catctttgaa ggtcatgagt ttgttagttt aacatcatat atttgaata gtgaaacctg 1260
    tactcaaat ataagcagct tgaaaactggc tttaaccaatc ttgaaatttg accacaagt 1320
    tcttatatat gcagatctaa tgtaaaatcc agaacttga ctccatcggt aaaattatt 1380
    atgtgtaaca ttcaaatgtg tgcattaaat atgttccac agtaaaatct gaaaaactga 1440
    tttgtgattg aaagctgcct ttctatttac ttgagtcctg tacatacata cttttttatg 1500
50  agctatgaaa taaaacattt taaactgaaa aaaaaaaaaa aaggc 1545

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1133 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95:

```

gcgcggtatt atcggttaga catctcgac cgcgtctcgg aaaccggtag cgcttgacgc 60
atggctgacc aactgactga agagcagatt gcagaattca aagaagcttt ttcactatct 120
gacaaagatg gtgatggaac tataacaaca aaggaattgg gaactgtaat gagatctctt 180
25 gggcagaatc ccacagaagc agagttagac gacatgatta atgaagtaga tgctgatggg 240
aatggcacia ttgaacttcc ctgaatttct ggacaaggat ggcaagaaaa atgaaagaca 300
cagacagtga agaagaaatg agagaagcat tccgtgtggt tgataaggat ggcaagggct 360
atatgagtgc tgcagaactt cgccatgtga tgacaaacct tggagagaag ttaacagatg 420
aagaagtga tgaaatgatc agggaagcag atattgatgg tgatgggtcaa gtaaatatg 480
30 aagagtttgt acaaatgatg acagcaaagt gaagaccttg tacagaatgt gttaaatttc 540
ttgtacaaaa ttgtttatct gccttttctt tgtttgtaac ttatctgtaa aagggtttctc 600
cctactgtca aaaaaatatg catgtatagt aattaggact tcattcctcc atgttttctt 660
cccttatctt actgtcattg tcctaaaacc ttattttaga aaagttgatc aaggttaacat 720
gttgcatgtg gcttactctg gggaaatata taagcccttc tgacatcta aacttagatg 780
35 gagttgggtc aatgaggga catctgggtt atgccttttt taaagtagtt ttcttttaga 840
actgtcagca tgttggtgtt gaagtgtgga gttgtaactc tgcgtggact atggacagtc 900
aacaatatgt acttaaaagt tgcactattg caaaacgggt gtattatcca ggtactcgta 960
cactatcttt ttgtactgct ggtcctgtac cagaacatt ttcttttatt gttacttgct 1020
ttttaaactt ggtttagcca cttaaaatct gcttatggca caatttgccc caaaatccat 1080
40 tccaagttgt atatttgttt tccaataaaa aaattacaat ttacccaaaa aaa 1133

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 791 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96:

```

gccgcccgcg cggaccgggc gagaggcggc ggcgggagcg gcggtgatgg acgggtccgg 60
ggagcagccd agaggcgggg ggcccaccag ctctgagcag atcatgaaga caggggccct120
15 tttgcttcag ggtttcatcc aggatcgagc agggcggaatg gggggggagg caccgagct180
ggccctggac ccggtgcttc aggatgcgtc caccaagaag ctgagcgagt gtctcaagcg240
catcggggac gaactggaca gtaacatgga gctgcagagg atgattgccg ccgtggacac300
agaactcccc cgagaggtct ttttccgagt ggcagctgac atgttttctg acggcaactt360
caactggggc cgggttgtcg cccttttcta ctttgccagc aaactgggtgc tcaaggccct420
20 gtgcaccaag gtgccggaac tgatcagaac catcatgggc tggacattgg acttctctcg480
ggagcggctg ttgggctgga tccaagacca ggggtggttg gacggcctcc tctctactt540
tgggacgccc acgtggcaga ccgtgaccat ctttgtggcg ggagtgtctc ccgcctcact600
caccatcttg aagaagatgg gctgaggccc ccagctgcct tggactgtgt ttttctcca660
taaattatgg catttttctg ggaggggttg ggattggggg acatgggcat ttttcttact720
25 tttgtaatta ttggggggtg tggggaagag tgggtcttgag ggggtaataa acctccttcg780
ggacacaaaa a
791

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

30 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 599 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97:

```

tcttcgcttc accatgaagt ccagcggcct cttccccttc ctggtgctgc ttgccctggg 60
aactctggca ccttgggctg tggaaaggctc tggaaagtcc tcaaagctg gagtctgtcc120

```

tcctaagaaa tctgcccagt gccttagata caagaaacct gagtgccaga gtgactggca180
 gtgtccaggg aagaagagat gttgtectga eacttggtgc atcaaagcc tggatcctgt240
 tgacacccca aacccaacaa ggaggaagcc tgggaagtgc ccagtgaact atggccaatg300
 5 tttgatgctt aaccccccca atttctgtga gatggatggc cagtgcagc gtgacttgaa360
 gtgttgcatt ggcatgtgtg ggaaatcctg cgtttccct gtgaaagctt gattcctgcc420
 atatggagga ggctctggag tctgtctctg tgtgggtccag gtcctttcca ccctgagact480
 tggctccacc actgatatcc tcttttgggg aaaggcttgg cacacagcag gctttcaaga540
 agtgccagtt gatcaatgaa taaataaacg agcctatttc tctttgcaaa aaaaaaaaa 599

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 643 Basenpaare
 15 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98:

35 gggcccgcg ctcgggcgta ggaggcggtg cctctgcagc aagcgtgggg cgcggaacc 60
 cgagcaggac tctccagtc tcaagtcacct tggacaaaga agtggtgatc ctcagattcc120
 atcttttcca actccaaggt gccatggcag agaaggtgct ggtaacaggt ggggctggct180
 acattggcag ccacacgggt ctggagctgc tggaggctgg ctacttgctt gtggtcatcg240
 ataacttcca taatgccttc cgtggagggg gctccctgcc tgagagcctg cggcgggtcc300
 40 aggagctgac aggcgctct tggagtttg aggagatgga cattttggac caggagagccc360
 tacagcgtct cttcaaaaag tacagcttta tggcgggtcat ccactttgcg gggctcaagg420
 ccgtgggcga gtcggtgcag aagcctctgg attattacag agttaacctg accgggacca480
 tccagcttct ggagatcatg aaggccacg ggggtgaagaa cctgggtgtc agcagctcag540
 ccactgtgta cggaacccc cagtacctgc ccccttgaat gagggccacc ccacggggtg600
 45 ggatgtaaca accttacgga agtccaaatt tctttatctt ttc 643

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 860 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99:

```

ctcgagccgc tcgagccgat tcggctcgag tgccctccaga ggactggcca cattttgcct 60
agataaagat gcacttagag atgaatatga tgatctctca gatttgaatg cagtacaaat120
20 ggagagtgtt cgagaatggg aaatgcagtt taaagaaaaa tatgattatg taggcagact180
cctaaaacca ggagaagaac catcagaata tacagatgaa gaagatacca aggatcacaa240
taaacaggat tgaactttgt aaacaaccaa agtcaggggc cttcagaact gcaattctta300
ctccctttca cagactgtcc ggagtctttg ggtttgattc acctgctgcg aaaaacattc360
aacaattgt gtacaagata aattaatctc actatgaaga tttgaataac tagacattat420
25 ttatgctgcc aaactcattt gttgcagttg tttgtaatgt ctagtggggc ttcacatcc480
tgaaaagaag gagacaggga tttttttaa gagcaagaaa gtcacaatat tacttctttc540
cttccttttt tcttcttttc ctttcttctt tctctttctt tctttttaa atatatggaa600
gacaaccaga tatgtatttg ctactcaagt gtacagatct cctcaagaaa catcaaggga660
ctcctgtgtc acatactgtg tttttatttt aacatgggtg agggaggcga cctgatcagg720
30 ggaggtgggg gtacacatca atttgagttg ttcaggctac tgaaacatta aaatgtgaat780
tcccaaactt ttctttttgg cattgttcgg gggataggga aatatcgttt ttaaaggagt840
cttggaatt ggggtgtgga                                     860

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

35

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1155 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

40

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100:

```

5  cggggctcgc ccagcctggg cggggagag gactggctgg gcaggggccc cgccccgcct 60
   cgggagagggc gggccggggcg gggtgggag tatttgaggc tcggagccac cgccccgcct 120
   gcgcccgcag cacctcctcg ccagcagccg tccggagcca gccaacgagc ggaaaatggc 180
   agacaatttt tcgtccatg atgcgttatc tgggtctgga aacccaaacc ctcaaggatg 240
   gcctggcgca tgggggaacc agcctgctgg ggagggggc taccaggggg ctccctatcc 300
10  tggggcctac ccgggagag caccgccagg ggcttatcct ggacaggcac ctccaggcgc 360
   ctaccctgga gcacctggag cttatcccg agcacctgca cctggagtct acccagggcc 420
   acccagcggc cctggggcct acccatcttc tggacagcca agtgccaccg gaggctaccc 480
   tgccactggc ccctatggcg cccctgctgg gccagtgatt gtgccttata acctgccttt 540
   gcctggggga gtgtgcctc gcatgctgat aacaattctg ggacgggtga agcccaatgc 600
15  aacagaatt gctttaagatt tccaaagagg gaatgatgtt gccttccact ttaaccacg 660
   cttcaatgag aacaacagga gactcattgt ttgcaataga aagctggata ataactgggg 720
   aagggaagaa agacagtcgg ttttccatt tgaagtgagg aaaccattca aaatacaagt 780
   actgggtgaa cctgacact tcaagggtgc agtgaatgat gctcacttgt tgcagtacaa 840
   tcatcggtt aaaaaactca atgaaatcag caaactggga atttctggtg acatagacct 900
20  caccagtgtc tcatatacca tgatataatc tgaagggggc agattaaaaa aaaaaaaga 960
   atctaaacct tacatgtgta aaggtttcat gttcactgtg agtgaaaatt ttacattca 1020
   tcaatatccc tcttgaagt catctactta ataatatta cagtgaaaaa aaaaaaaaaa 1080
   aaaaaaaaaa gtcgaaaaag gagggggaag gagagagagg gaagaagaga gaggagaagg 1140
   aggggggggg tgggt                                     1155

```

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 522 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101:

```

50  aaaaatattt gctggaaatt gctgtgtagg attacaggcg tgaccactgc gcccgccac 60
   attcagttct tatcaaagaa ataaccaga cttaatcttg aatgatacga ttatgccaa 120
   tattaagtaa aaaatataag aaaaggttat cttaaataga tcttaggcaa aataccagct 180
   gatgaaggca tctgatgcct tcatctgttc agtcatctcc aaaaacagta aaaataacca 240
   ctttttggtg ggcaatatga aatttttaaa ggagtagaat accaaatgat agaaacagac 300
55  tgccctgaatt gagaattttg atttcttaaa gtgtgtttct ttctaaattg ctgttcctta 360

```

```

atttgattaa ttaattcat gtattatgat taaatctgag gcagatgagc ttacaagtat420
tgaaataatt actaattaat cacaaatgtg aagttatgca tgatgtaaaa aatacaaca480
ttctaattaa aggctttgca acacaaaaaa aagaaaaaaa aa 522

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1628 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102:

```

ccagctcgcc ctgcctagcc aggggcgccc cgccccctgc ctgcccggcc accttcggga 60
gccgcttcca ataggcgctc gccattggct ctggcgacct ccgcgcgttg ggaggtgtag 120
cgcgctctcg aacgcgctga gggccgttga gtgtcgagg cggcgagggc gcgagttagg 180
agcagaccca ggcctcgccg gccgagaagg ccgggcgtcc ccacactgaa ggtccgaaa 240
ggcgacttcc gggggctttg gcacctggcg gacctcccc gagcgctggc acctgaacgc 300
gaggcgctcc attgcgcgtg cgcgttgagg ggcttcccgc acctgatcg gagaccccaa 360
cggttggttg cgtgcctgc gcgtctcggc tgagctggcc atggcgagc gtgcgggctg 420
agggcgagcg ggcgtttctc gccctgctgg gatcgctgct cctctctggg gtcctggcgg 480
ccgaccgaga acgcagcatc cagacttct gcctgggtgc gaagggtgtg ggcagatgcc 540
gggcctccat gcctagggtg tggtaacaat tcaactgacg atcctgccag ctgtttgtgt 600
atgggggctg tgacggaaac agcaataatt acctgaccaa ggaggagtgc ctcaagaaat 660
gtgccactgt cacagagaat gccacgggtg acctggccac cagcaggaat gcagcggatt 720
cctctgtccc aagtgtcccc agaaggcagg attctgaaga ccactccagc gatatgttca 780
actatgaaga atactgcacc gccaacgcag tcaactgggc ttgcccgtgca tccttcccac 840
gctgttactt tgacgtggag aggaactcct gcaataactt catctatgga ggctgccggg 900
gcaataagaa cagctaccgc tctgaggagg cctgcatgct ccgctgcttc cgccagcagg 960
agaatcctcc cctgccccct ggctcaaagg tgggtggttct ggcggggctg ttcgtgatgg 1020
tgttgatcct ctctctggga gcctccatgg tctacctgat ccgggtggca cggaggaacc 1080
aggagcgtgc cctgcgcacc gtctggagct ccggagatga caaggagcag ctggtgaagall 1140
acacatatgt cctgtgaccg ccctgtcgcc aagaggactg gggaaggag gggagactat 1200
gtgtgagctt ttttaataa gagggattga ctccgatttg agtgatcatt agggctgagg 1260
tctgtttctc tgggaggtag gacggctgct tcctggctcg gcagggatgg gtttgccttg 1320
gaaatcctct aggaggctcc tcctcgcatg gcctgcagtc tggcagcagc cccgagttgt 1380
ttctcgtctg atcgatttct ttctccagg tagagttttc tttgcttatg ttgaattcca 1440
ttgcctcttt tctcatcaca gaagtgatgt tggaaatcgt tcttttggtt gtctgattta 1500
tgggtttttt aagtataaac aaaagttttt tattagcatt ctgaaagaag gaaagttaaa 1560
tgtacaagtt taataaaaaa gggccttccc cttagaata aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1628
aaaaaaa

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 605 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103:

```

cctggcagct gtcggctgga aggaactggt ctgctcacac ttgctggctt gcgcatcagg 60
actggcttta tctcctgact cacggtgcaa aggtgcactc tgcgaacgtt aagtcctgcc120
ccagcgcttg gaatcctacg gccccacag ccggatcccc tcagccttcc aggtcctcaa180
ctcccgcgga cgctgaacaa tggcctccat ggggctacag gtaatgggca tcgcgctggc240
30 cgtcctgggc tggctggccg tcatgctgtg ctgcgcgtg cccatgtggc gcgtgacggc300
cttcatcggc agcaacattg tcacctgcea gaccatctgg gagggcctat ggatgaactg360
cgtggtgcag agcaccggcc agatgcagtg caaggtgtac gactcgctgc tggcactgcc420
gcaggacctg caggcgccc gcgccctcgt catcatcagc atcatcgtgg ctgctctggg480
cgtgctgctg tccgtggtgg ggggcgaagt gtaacaaact tgcctggagg attaaaagcg540
35 ccaagggcaa gaacatgatt cgttggcggg cgtgggtgtt tctgtttggg ccggcctaata600
gggtg                                     605

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2731 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105:

```

10 aggggggagg acagacacag actatgcaga tgggagtgaa gacaaagtag tagaagtagc 60
   agaggaggaa gaagtggctg aggtggagga cgatgaggat ggtgatgagg tagaggaaga 120
   ggctgaggaa ccctacgaag aagccacaga gagacacaga gtctgtggaa gaggtggttc 180
   gagaggtgtg ctctgaacaa gccgagacgg gcccggtgcc agcaatgatc tcccgtggtt 240
   actttgatgt gactgaaggg aagtgtgccc cattctttta cggcggatgt ggccgcaacc 300
15 ggaacaactt tgacacagaa gactactgca tggcgtgtg tggcagcgcc attcctacaa 360
   cagcagccag taccctgat gccgttgaa agtatctcga gacacctggg gatgagaatg 420
   aacatgcca tttccagaaa gccaaagaga ggcttgaggc caagcaccga gagagaatgt 480
   cccaggtcat gagagaatgg gaagaggcag aacgtcaagc aaagaacttg cctaaagctg 540
   ataagaaggc agttatccag catttccagg agaaagtgga atctttggaa caggaagcag 600
20 ccaacgagag acagcagctg gtggagacac acatggccag agtgaagcc atgtcaatg 660
   accgccgccc cctggccctg gagaactaca tcaccgctct gcaggctgtt cctcctcgcc 720
   ctgctcacgt gttcaatatg ctaaagaagt atgtccgcgc agaacagaa gacagacagc 780
   acaccctaaa gcatttcgag catgtgcgca tggtgatcc caagaaag gctcagatcc 840
   ggtcccagggt tatgacacac ctccgtgtga tttatgagcg catgaatcg cctctctccc 900
25 tgctctacaa cgtgcctgca gtggccgagg agattcagga tgaagtga yagctgcttc 960
   agaaagagca aaactattca gatgacgtct tggccaacat gattagtga ccaaggatca 1020
   gttacggaaa cgatgtcttc atgccatctt tgaccgaaac gaaaccacc gtggagctcc 1080
   tcccgtgaa tggagagttc agcctggacg atctccagcc gtggcattct tttgggctg 1140
   actctgtgcc agccaacaca gaaaacgaag ttgagcctgt tgatgccgc cctgctgccg 1200
30 accgaggact gaccactcga ccaggtctg ggttgacaaa tatcaagacg gaggagatct 1260
   ctgaagtga gatgatgca gaattccgac atgactcagg atatgaagtt catcatcaaa 1320
   aattggtgtt ctttgacaga gatgtgggtt caaacaagg tgcaatcatt ggactcatgg 1380
   tgggcggtgt tgtcatagcg acagtgatc tcatcacctt ggtgatgctg aagaagaaac 1440
   agtacacatc cattcatcat ggtgtgggtg aggttgacgc cgctgtcacc ccagaggatc 1500
35 gccacctgtc caagatgcag cagaacggct acgaaaatcc aacctacaag ttctttgagc 1560
   agatgcagaa ctgaccccc gccacagcag cctctgaagt tggacagcaa aaccattgct 1620
   tcaactacca tccgtgtcca tttatagaat aatgtgggaa gaaacaaacc cgttttatga 1680
   tttactcatt atgcctttt gacagctgtg ctgtaacaca agtagatgcc tgaacttgaal 1740
   ttaattccaca catcagtaat gtattctatc tctctttaca ttttggctc tatactacat 1800
40 tattaatggg ttttgtgtac tgtaaagaat ttatgtgtat caaactagt catgaataga 1860
   ttctctcctg attatttatc acatagcccc ttagccagtt gtatattatt cttgtggtt 1920
   gtgacccaat taagtcctac tttacatatg ctttaagaat cgatggggga tgcttcattg 1980
   gaacgtggga gttcagctgc ttctcttgcc taagtattcc tttcctgatc actatgcatt 2040
   ttaaagttaa acatttttaa gtatttcaga tgcttttagag agattttttt tccatgactg 2100
45 cattttactg tacagattgc tgctttctgt atatttgtga tataggaatt aagaggatac 2160
   acatttttgt ttcttcgtgc ctgttttatg tgcacacatt aggcattgag acttcaagct 2220
   tttctttttt tgtccacgta tctttgggtc tttgataaag aaaagaatcc ctgttcattg 2280
   taagcacttt tacggggcgg gtggggaggg gtgctctgct ggtcttcaat taccaagaat 2340
   tctccaaaac aattttctgc aggatgattg tacagaaatca ttgcttatga catgatcgct 2400
50 ttctacactg tattacataa ataaattaaa taaaataacc ccgggcaaga cttttctttg 2460
   aaggatgact acagacatta aataatcgaa gtaattttgg gtggggagaa gaggcagatt 2520
   caattttctt taaccagtct gaagtttcat ttatgatata aaagaagatg aaatggag 2580
   tggcaatata aggggatgag gaaggcatgc ctggacaaac ccttctttta agatgtgtct 2640
   tcaatttgta taaaatggtg ttttcatgta aataaatata ttcttgagg agccaaaaaa 2700
55 aactatatta ctggcaggtt tataatatgg c 2731

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2194 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106:

```

5'
25
30
35
40
45
50
55
gaattcagaa gttaatgatg ttgggtaaga gaacaatggt aagagagcaa tctaagaata 60
tatcacctac tttaatttta tatgagagta catggaggta gctgtgatgt ggaaatgtag 120
cactgctect acccaecgag atttattcca gtgaaacaac aactggaact tcaagtaact 180
cctcccagag tacttccaac tctgggttgg ccccaaatcc aactaatgcc accaccaagg 240
cggctggtgg tgcctgcag tcaacagcca gtctcttctg ggtctcactc tctcttctgc 300
atctctactc ttaagagact caggccaaga aacgtcttct aaatttcccc atcttctaaa 360
cccaatccaa atggcgtctg gaagtccaat gtggcaagga aaaacaggtc ttcacggaat 420
ctactaattc cacacctttt attgacacag aaaatgttga gaatcccaaa tttgattgat 480
ttgaagaaca tgtgagaggt ttgactagat gatggatgcc aatattaaat ctgctggagt 540
ttcatgtaca agatgaagga gaggaacat ccaaaatagt taagacatga tttcctgaa 600
tgtggcttga gaaatatgga cacttaatac taccttgaaa ataagaatag aaataaagg 660
tggtattgtg gaatggagat tcagttttca tttggttcat taattctata aggccataa 720
acaggttaata taaaaagctt ccatgattct atttatatgt acatgagaag gaacttccag 780
gtgttactgt aattcctcaa cgtattgttt cgacagcact aatttaatgc cgatatactc 840
tagatgaagt tttacattgt tgagctattg ctgttctctt gggaactgaa ctactttcc 900
tcttgagget ttggatttga cattgcattt gaccttttat gtagtaattg acatgtgcca 960
gggcaatgat gaatgagaat ctacccccag atccaagcat cctgagcaac tcttgattat 1020
ccatattgag tcaaatggta ggcatcttct atcacctgtt tccattcaac aagagcacta 1080
cattcattta gctaaacgga ttccaaagag tagaattgca ttgaccgcca ctaatttcaa 1140
aatgcttttt attattatta ttttttagac agtctcactt tgtcgcccag gccggagtgc 1200
agtgggtgca tctcagatca gtgtaccatt tgccctcccg gctcaagcga ttctctgccc 1260
tcagcctccc aagtagctgg gattacaggc acctgccacc atgcccgget aatttttgtal 1320
attttagtag agacagggtt tcaccatggt gccaggctg gtttcgaact cctgacctca 1380
gggtgatccac ccgcctcggc ctcccaaagt gctgggatta caggcttgag ccccgcgccc 1440
cagccatcaa aatgcttttt atttctgcat atgttgaata ctttttacia tttaaaaaaa 1500
tgatctgttt tgaaggcaaa attgcaaatc ttgaaattaa gaaggcaaaa atgtaaaagg 1560
gtcaaaacta taaatcaagt atttggaag tgaagactgg aagctaattt gcattaaatt 1620
cacaaacttt tatactcttt ctgtatatac attttttttc tttaaaaaac aactatggat 1680
cagaatagcc acatttagaa cactttttgt tatcagtcaa tattttttaga tagttagaac 1740
ctggtcctaa gcctaaaagt gggcttgatt ctgcagtaaa tcttttacia ctgcctcgac 1800
acacataaac ctttttaaaa atagacactc cccgaagtct tttgttcgca tggtcacaca 1860
ctgatgctta gatgttccag taatctaata tggccacagt agtcttgatg accaaagtcc 1920
tttttttcca tcttttagaa actacatggg aacaaacaga tcgaacagtt ttgaagctac 1980
tgtgtgtgtg aatgaacact cttgctttat tccagaatgc tgtacatcta ttttgatttg 2040
tatattgtgt ttgtgtattt acgctttgat tcatagtaac ttcttatgga attgatttgc 2100
attgaacaca aactgtaaat aaaaagaaat ggctgaaaga gcaaaaaaaa aggaaagaaa 2160
aaaagaaaaa aaaagaaaaa aaaaaggggg aggc
2194

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 5 (A) LÄNGE: 1812 Basenpaare
(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

- 10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

- 20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107:

25 cggaaggttg accttgatg aattttgacg agaacaagtt cgtggaccga agaagatggg 60
ggccgcacgc ccaggcccgg gccccgacga ggccgaggtg gacacctgcc ccctgcgcaa 120
aggaaacatg aaacagaccc tacaggcagc tctgaagaac cccctatca acaccaagag 180
tcaggcagtg aaggaccggg caggcagcat tgtcttgaag gtgctcatct cttttaaaagc 240
30 taatgatata gaaaaggcag ttcaatctct ggacaagaat ggtgtggatc tcctaataaa 300
gtatatattat aaaggatttg agagcccgtc tgacaatagc agtgctatgt tactgcaatg 360
gcatgaaaag gcacttgctg ctggaggagt aggggccatt gttcgtgtct tgactgcaag 420
aaaaactgtg tagtctggca ggaagtggat tatctgcctc gggagtggga attgctggta 480
caaagaccaa aacaaccaa tgccaccgct gccctgtggg tagcatctgt ttctctcagc 540
35 tttgccttct tgctttttca tatctgtaa gaaaaaatt acatatcagt tgccttttaa 600
tgaaaatttg gataatatag aagaattgt gttaaaatag aagtgtttca tcctttcaaa 660
accatttcag tgatgtttat accaatctgt atatagtata atttacattc aagtttaatt 720
gtgcaacttt taaccctgtg tggctggttt tttgttctgt tttgttttgt attattttta 780
actaatactg agagatttg tcagaatttg aggccagttt cctagctcat tgctagtcag 840
40 gaaatgatat ttataaaaaa tatgagagac tggcagctat taacattgca aaactggacc 900
atatttcctt tatttaataa gcaaaatag tttttggaat aagtggggg tgaataccac 960
tgccaagtta tagctttgtt tttgcttgcc tcctgattat ctgtactgtg ggtttaagta 1020
tgctactttc tctcagcatc caataatcat ggcccctcaa tttatttgtg gtcacccagg 1080
gttcagagca agaagtcttg ctttatacaa atgtatccat aaaatatcag agcttggttg 1140
45 gcatgaacat caaacttttg ttccactaat atggctctgt ttggaaaaa ctgcaaatca 1200
gaaagaatga ttgcagaaa gaaagaaaa ctatgggtga atttaactc tggcagcctt 1260
ctgaatgaaa tgctactttc tttagaaata taatagctgc cttagacatt atgaggtata 1320
caactagtat ttaagatacc atttaatatg ccccgtaa atgtctcagt ttcttcaggg 1380
tagttgggat ctcaaaagat ttggttcaga tccaaacaaa tacacattct gtgttttagc 1440
50 tcagtgtttt ctaaaaaaa agaaactgcc acagcaaaaa attgtttact ttgttgga 1500
aaccaaatca gttctcaaaa aatgaccggt gcttataaaa agttataaat atcgagtagc 1560
tctaaaaaca accacctgac caagagggaa gtgagcttgt gcttagtatt tacattggat 1620
gccagttttg taatcactga cttatgtgca aactgggtga gaaattctat aaactctt 1680
ctgtttttga tacctgcttt ttgtttcatt ttgttttgtt ttgtaaaaa gataaaactt 1740
55 cagaaaataa aatgtcagtg ttgaataaaa taaaaaaca aattgaagaa gaggatggag 1800
atttcgactt gg 1812

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 890 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108:

```
aacgactcct ggtaccttgc tcccattact tcccgtttcc tegatctgct gctcgtctca 60
ggctcgtagt tcgccttcaa catgccggaa ccagcgaagt ccgctcccgc gcccaagaag120
ggctcgaaga aagccgtgac taaggcgcag aagaaggacg gcaagaagcg caaggcagcc180
gcaaggagag ctactccgta tacgtgtaca agtgctgaa gcaggtccac cccgacaccg240
gcatctcctc taaggccatg ggaatcatga actccttcgt caacgacatc ttcgaacgca300
tcgcgggtga ggcttcccgc ctggcgcatc acaacaagcg ctcgaccatc acctccaggg360
agatccagac ggccgtgcgc ctgctgctgc ccggggagtt ggccaagcac gccgtgtccg420
agggcaccaa ggccgtcacc aagtacacca gcgctaagta aacttgccaa ggagggactt480
35 tctctggaat ttctgatat gaccaagaaa gcttcttattc aaaagaagca caattgcctt540
cggttacctc attatctact gcagaaaaga agacgagaat gcaaccatac ctatagtgac600
ttttccacaa gctaaagctg gcctcttgat ctcatcaga ttccaaagag aatcattttac660
aagttaattt ctgtctcctt ggtccattcc ttctctctaa taatcattta ctgttccctca720
aagaattgtc tacattaccc atctcctctt ttgcctctga gaaagagtat ataagcttct780
40 gtaccccaact ggggggttgg ggtaatatc tgtggctcctc agccctgtac ctttaataaat840
ttgtatgcct tttctcttaa aaaaaaaaaa aagaagaagg aagaggatgc 890
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2627 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110:

```
15 ggcacgagat gtgaaaaggt tttgtgtaca ccacctccaa aaataaaaaa tggaaaaaac 60
accttttagtg aagtagaagt atttgagta: cttgatgcag taacttatag ttgtgatcct 120
gcacctggac cagatccatt ttcacttatt ggagagagca cgatttattg tggtgacaat 180
tcagtgtgga gtctgtctgc tccagagtgt aaagtgggtca aatgtcgatt tccagtagtc 240
gaaaatggaa aacagatatc aggatgttga aaaaaatttt actacaaagc aacagttatg 300
tttgaatgcg ataagggttt ttacctcgat ggagcgaca caattgtctg tgacagtaac 360
20 agtacttggg atccccagc tccaaagtgt cttaaagtgt cgacttcctc cactacaaaa 420
tctccagcgt ccagtgcctc aggtcctagg cctacttaca agcctccagt ctcaaattat 480
ccaggatata ctaaacctga ggaaggaata cttgacagtt tggatgtttg ggtcattgct 540
gtgattgtta ttgccatagt tgttggagtt gcagtaattt gtgttgtccc gtacagatat 600
cttcaaagga ggaagaagaa agggaaagca gatgggtggag ctgaatatgc cacttaccag 660
25 actaaatcaa ccactccagc agagcagaga ggctgaatag attccaacac ctggtttgcc 720
agtccatctt ttgactctat taaaatcttc aatagttggt attctgtagt ttcactctca 780
tgagtgaac ttgtgcttag ctaatatgtc aatgtggctt gaatgtagg agcatccttt 840
gatgcttctt tgaacttgt atgaatttgg gtatgaacag attgcctgct ttcctttaa 900
taacacttag atttatttga ccagtcagca cagcatgcct ggttgattta aagcagggat 960
30 atgctgtatt ttataaaatt ggcaaaatta gagaaatata gttcacaatg aaattatatt 1020
ttctttgtta agaaagtggc ttgaaatctt tttgtttcaa agattaatgc caactcttaal 1080
gattattctt tcaccaacta tagaatgtat ttatatatc gttcattgta aaaagccctt 1140
aaaaatatgt gtatactact ttggctcttg tgcataaaaa caagaacact gaaaattggg 1200
35 aatatgcaca aacttggctt ctttaaccaa gaatattatt ggaaaattct ctaaaagttal 1260
atagggtaaa ttctctattt tttgtaattg gtccggtgat ttcagaaagc tagaaagtgt 1320
atgtgtggca tttgttttca ctttttaaaa catccctaac tgatcgaata tatcagtaatt 1380
ttcagaatca gatgcatcct ttcataagaa gtgagaggac tctgacagcc ataacaggag 1440
tgccacttca tggtcggaag tgaacactgt agctctgttg ttttcccaa gagaaactcg 1500
tatgttctct taggttgagt aaccactct gaattctggt tacatgtgtt tttctctccc 1560
40 tccttaata aagagagggg ttaaaccatgc cctctaaaag taggtgggtt tgaagagaat 1620
aaattcatca gataacctca agtcacatga gaactcttag ccatttacat tgccttggct 1680
agtaaaagcc atctatgtat atgtcttacc tcatctccta aaaggcagag tacaagtaa 1740
gccaatgtat tcaggaaggt aacttcattt tgtctatttg ctggtgattg taccaaggga 1800
45 tggaaagaag aaatatagct caggtagcac ttataactca agcgatctc agccctctac 1860
tgagtccctt agccaagcag tttctttcaa agaagccagc aggcgaaaag caggactgc 1920
cactgcattt catatcacac tgttaaaagt tgtgttttga aattttatgt ttagttgcac 1980
aaattgggccc aaagaaacat tgccttgagg aagatatgat tggaaaatca agagtgtaga 2040
agaataaata ctgttttact gtccaaagac atgtttatag tgctctgtaa atgttcctt 2100
50 cctttgtagt ctctggcaag atgcttttag aagataaaaag tttgaggaga acaaacagga 2160
attctgaatt aagcacagag ttgaagttaa taccggtttc acatgctttt caagaatgtc 2220
gcaattacta agaagcagat aatggtgttt tttagaaacc taattgaagt atattcaacc 2280
aaatacttta atgtataaaa taaatattat acaatatact tgtatagcag tttctgcttc 2340
acatttgatt tttcaaatt taatatttat attagagatc tatatatgta taaatatgta 2400
ttttgtcaaa tttgttactt aaatatatag agaccagttt tctctggaag tttgtttaaa 2460
55 tgacagaagc gtatatgaat tcaagaaaaa ttaagctgca aaaatgtatt tgctataaaa 2520
tgagaagtct cactgataga ggttctttat tgctcatttt ttaaaaaaat gactcttgaa 2580
atctgttaaa ataaaattgt acatttggaa aaaaaaaa gccaaaa 2627
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 976 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111:

```

25  ctcgagccgc gagattcccc cgaagttctc catgaagcgc ctccaccgcc gcctcatcgc 60
    cgtcatcgtg gtggtcgtgg tggccctcgt cgccggcatg gccgtcctgg tgatcaccaal20
    ccggagaaag tcggggaagt acaagaaggt ggagatcaag gaactggggg agttgagaaal80
    ggaaccgagc ttgtaggtac ccggcggggc aggggatggg gtggggtacc ggatttcggt240
    atcgtcccag acccaagtga gtcacgcttc ctgattcctc ggcgcaaagg agacgtttat300
    cctttcaaat tcctgccttc ccctccctt ttgcgcacac accaggttta atagatcctg360
30  gcctcagggt ctcttttctt tctcacttct gtcttgaagg aagcatttct aaaatgtatc420
    ccctttcggg ccaacaacag gaaacctgac tggggcagtg aaggaaggga tggcatagcg480
    ttatgtgtaa aaaacaagta tctgtatgac aaccgggat cgtttgcaag taactgaatc540
    cattgcgaca ttgtgaaggc ttaaatgagt ttagatggga aatagcgttg ttatcgctt600
    gggtttaaat tatttgatga gttccacttg tatcatggcc taccgagga gaagaggagt660
35  ttgttaactg ggcctatgta gtagcctcat ttaccatcgt ttgtattact gaccacatat720
    gcttgtcact gggaagaag cctgtttcag ctgcctgaac gcagtttga tgtctttgag780
    gacagacatt gcccgaaac tcagtctatt tattcttcag cttgccctta ctgccactga840
    tattgtaaat gttctttttt gtaaatgtt tgtacatatg ttgtctttga taatgttgct900
40  gtaatttttt aaaataaaac acgaatttaa taaaatatgg gaaaggcaca caaaaaaaaa960
    aaaaaaaaaa aaaaac                                     976

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1427 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

10 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112:

```
cttccggggt gactgcctct tccagggcgg gcggtgtggt gcacgcattg ctgtgctcca 60
actccctcag ggcctgtgtt gccgcactct gctgctatga gcttcctcaa aagtttcccg 120
15 ccgcctgggc cagcggaggg gctcctgcgg cagcagccag acactgaggc tgtgtgaac 180
gggaagggcc tcggcactgg taccctttac atcgctgaga gccgcctgtc ttggttagat 240
ggctctggat taggattctc actggaatac cccaccatta gtttacatgc attatccagg 300
gaccgaagtg actgtctagg agagcatttg tatgttatgg tgaatgcaa atttgaagaa 360
gaatcaaaag aacctgttgc tgatgaagaa gaggaagaca gtgatgatga tgttgaacct 420
20 attactgaat ttagatttgt gcctagtgat aaatcagcgt tggaggcaat gttcactgca 480
atgtgcgaat gccaggcctt gcattccagat cctgaggatg aggattcaga tgactacgat 540
ggagaagaat atgatgtgga agcacatgaa caaggacagg gggacatccc tacattttac 600
acctatgaag aaggattatc ccatctaaca gcagaaggcc aagccacact ggagagatta 660
gaaggaatgc tttctcagtc tgtgagcagc cagtataata tggctggggt caggacagaa 720
25 gattcaataa gagattatga agatgggatg gaggtggata ccacaccaac agttgctgga 780
cagtttgagg atgcagatgt tgatcactga aaatgattta tgcaagttaa agattctgct 840
cctaagtgtg ggagagaact tgggtgcctc tccactctgg agtgaagtta atgaaagtct 900
ttttcctttt ccaaaaccca acctgaacca gttctttctt gagacagact atactgagac 960
aacaagttgt caccagcaga agatagataa tatgaccttt attaaacttga tgaattaaact1020
30 taaccaagag ggtatttgta gtttactatt taccctaaaa ctttctgtgt ctgggtaccc1080
tctgagtagg cctataatc ctaccttgac tgtgtgcac atttgtaagc tagcagatct1140
atgtggtgaa aatgcacagg agcttggtag actgcggggg aaagagagag ctcccttcgc1200
catgttttac cagtctgctg ttataacctc ttagggttga tcctttaatt tccagccttt1260
taggttagtt tctgtaacag aacaagttag tctgggatga agtcctcaaa gtacttcaaa1320
35 tggtaattgt tttgtttttg taatagctta acaataaac ctaggttttc tatattaaaa1380
aaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaggtacctg ccctaataa attctgc 1427
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2639 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113:

```

5
10
15
20
25
30
35
40
45
50
    tccctatctt acccttcccg attctccttt tttcttttct ttttttatat ggctttcttc 60
    tttcttttct ttcttttttc ttcccttttt tatttgacca gtgtaaataa caaacattta 120
    ttggtgtcac ttatggtaga aaaaacttcc tacaccagat gcacatgacc cagttgttaa 180
    atagaacatt ttgaaggtag acacacaccc taaccdaggt tttttaccpg ctttttaaga 240
    tggccaattc ttcttctccc cccaccccaa agacatgtga gcaactgcta atgaaaagca 300
    gtaaacagcc gcttaggcta tagcagtttc aactccactc tgaggtagaag attccaatta 360
    cattcgagac ttaagttctt tcaatttttt cctaacaaaa gtctctgagt ccagtattta 420
    caatattaca gactagcag atcagtgctc acaactcadc tttttctgct gtatctctt 480
    caccagttgg gggagggcct gcacttccat agagtttgct gataattggt tgaacaattt 540
    cttccagttc cttcttctta gctttgaagt cttcaatgtc agcatcttgg tggctttcca 600
    gccattcaat cttttcttct acagcttttt ccatgggtct cttatcttca gaggaaagtt 660
    taqctccag cttttcttta tctccaatct gattctttag agaataggca tagctttcca 720
    actcatttct agtatcaatg cgctccttga gctttttgtc ttcttcagca aacttctcag 780
    catcattaac catcctttcg atttcttcag gtgtcaggcg attctggtca ttggtgattg 840
    tgatcttat ttgttccct gtacccttgt cttcagctgt cactcgaaga ataccattca 900
    catctatctt aaggttgact tcaatctgtg ggacccacag aggagcagga ggaattccag 960
    tcagatcaaa tgtaccaga agatgattgt cttttgtcag gggcttttca cttcataga1020
    ccttgattgt aacagttggt tgattatcag aagctgtaga aaagatctga gacttcttgg1080
    taggcaccac tgtgttccct ggaatcagtt tggatcatgac acctcccaca gttcaatacl140
    caagtgaag gggacataca tcaagcagta ccaggtcacc tgtatcttga tcaccagaga1200
    gcacaccagc ctggacagca gcaccatacg ctacagcttc atctgggttt atgccacggg1260
    atggttccct gccattgaag aactctttta ccagttgctg aatctttgga attcgagtcg1320
    agccaccaac agaacaatt tcatcaatat cagacttctt caaatcagaa tcttccaacal380
    cttctggagc gggcttcata gtagaccgga acagatccat gttgagctct tcaaatttgg1440
    cccgagtcag ggtctcagaa aagtcttctc cttcatagaa ggactcaatt tcaattcttg1500
    cttgatgctg agaagacagg gcccgtttg cttttctac ctgcgcgagg agtttctgca1560
    cagctctatt gtcttctctg acatctttgc ccgtcttctt tttgtacagt ttgatgaagt1620
    gttccatgac acgctggtca aagtcttctc caccagatg agtatctcca ttagtggcca1680
    caacttcgaa gacaccattg tcaatggtaga gaagagacac atcgaagggt ccgccaccca1740
    ggtcaaacac caggatgttc ttctccccc cctcttatac caggccataa gcaatagcag1800
    ctgcccgtagg ctggttagt atcctcataa catttaggcc agcaatagtt ccagcgtctt1860
    tggttgcttg gcgttgggca tcattaaaat aggttggtac agtaacaact gcatgggta1920
    cttcttttcc caaataagcc tcagcggttt ctttcatttt agtgagaacc atggcagaaa1980
    tttcttcagg agcaaatgtc tttgtttgcc cacctccaat atcaacttga atgtatggtt2040
    tagttttctt ttcaaccacc ttgaacggca agaacttgat gtctgtctgc acagacgggt2100
    cattccacgt gcggccgatg agccgcttg cgtcaaagac cgtgttctcg gggttggagg2160
    tgagctggtt cttggcgga ctcgcaatca gacgttcccc ttcaggagtg aaggcgacat2220
    aggacggcgt gatgcggtt ccctgatcgt tggcgatgat ctccacgcgg ccgttcttga2280
    acacgccgac gcaggagtag gtgtcccca ggtcgatgcc gaccacgtg cccacgtct2340
    cettcttgte ctctctctcg gcccgcgccg cgctgagcag cagcagcadc gcggccacca2400
    gggagagctt catcttgcca gccagttggg cagcagcagg cagtccagcc acaggccgta2460
    gcacaggagc acagcgcaat ttccgacttg caggcggcag gggcccgggg tcacaaggcg2520
    ccacgaacca ggcgaagggc aggtctagaa atacaggccg cggcgcttcc ctctcacact2580
    cgcgaaacac cccaataggt caatctgtct gtgctgtctt ggccggcadc gacccttag 2639

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 634 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114:

ctccccgcgcg cgcgggttaaa tccccgcacc tgagcatcgg ctacacacctg cccccgcgcc 60
gggcatagca ccatgcctgc ttgtcgccta ggcccgcctag ccgccgccct cctcctcagc120
20 ctgctgctgt tcggcttcac cctagtctca ggcacaggag cagagaagac tggcgtgtgc180
cccgagctcc aggtgacca gaactgcacg caagagtgcg tctcggacag cgaatgcgcc240
gacaacctca agtgctgcag cgcgggctgt gccaccttct gctctctgcc caatgataag300
gagggttcct gccccaggt gaacattaac ttccccagc tcggcctctg tcgggaccag360
tgccagggtg acagccagtg tcctggccag atgaaatgct gccgcaatgg ctgtgggaag420
25 gtgtcctgtg tcactcccaa ttcttgagct ccagccacca ccaggctgag cagtgaggag480
agaaagtctt tcgctggccc tgcattctgt tccagccac ctgccctccc ctttttcggg540
actctgtatt cctcttggg ctgaccacag cttctccctt tcccaaccaa taaagtaacc600
actttcagca aaaaaaaaaa aaaaaaaaca aaaa 634

30 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 719 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115:

5 gtcgactttt tttttttttt ttttaacatgg aaaagtattt ttaaaaaatcg aataatccta 60
 ttcaagtcaa ccagtggttaa ccccggtgtg cttcctgccg gtctgttctt ccccatggga120
 gtcacacaaa atgaaatctt cctagaaaga gaagacaaa acccgcaaaa gatgtatgcc180
 accatctatg agctgaaaga agacaagagc tacaatgtca cctccgtcct gtttaggaaa240
 aagaagtgtg actactggtt caggactttt gttccagggt gccagcccgg cgagttcacg300
 ctgggcaaca ttaagagtta ccctggatta acgagtacc tcgtccgagt ggtgagcacc360
 aactacaacc agcatgctat ggtgttcttc aagaaagttt ctcaaaacag ggagtacttc420
 10 aagatcaccc tctacgggag aaccaaggag ctgacttcgg aactaaagga gaacttcatac480
 cgcttctcca aatctctggg cctccctgaa aaccacatcg tcttcctgt cccaatcgac540
 cagtgtatcg acggctgagt gcacaggtgc cgccagctgc cgaccagcc cgaacccat600
 tgaggagct gggagaccct cccacagtg dcacccatgc agctgtccc caggccacc660
 cgctgatgga gcccacctt gtctgctaaa taaadatgtg ccctcaaaaa aaaaaaaaa 719

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 494 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

35 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116:

40 gtcgataacg ccagacgcaa gacgccgggc ctacagcggg agcgtgagga aagccgtgcg 60
 ttgcgttcca aggcattctgt gagcccgcg agtatacacc atgagcaaag ctcaccctcc120
 cgagttgaaa aaatttatgg acaagaagtt atcattgaaa ttaaatggtg gcagacatgt180
 ccaaggaata ttgcgggat ttgatccctt tatgaacctt gtgatagatg aatgtgtgga240
 gatggcgact agtgacaac agaacaatat tggaatggtg gtaatacagag gaaatagtat300
 catcatgtta gaagccttgg aacgagtata aataatggct gttcagcaga gaaacccatg360
 45 tctctctccc atagggcctg ttttactatg atgtaaaaat taggtcatgt acattttcat420
 attagacttt ttgttaaata aacttttgta atagtcaaaa aaaagtttg tctcatctac480
 cttataatat ctgc 494

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1065 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117:

```

20  acgcggctga ctacgtcaa agctccattg ttagatcctt tctgtcctcc ttcctggctc 60
    ctcccttctc cccacccctc taataggctc ataagtgggc tcaggcctct ctgcggggct 120
    cactctgcgc ttcacpatgg ctttcattgc caagtccttc tatgacctca gtgccatcag 180
    cctggatggg gagaaggtag atttcaatac gttccggggc agggccgtgc tgattgagaa 240
    tgtggcttcg ctctgaggca caaccacccg ggacttcacc cagctcaacg agctgcaatg 300
    ccgctttccc aggcgcctgg tggctccttg cttcccttgc aaccaatttg gacatcagga 360
25  gaactgtcag aatgaggaga tcctgaacag tctcaagtat gtccgtcctg ggggtggata 420
    ccagcccacc ttcacccttg tccaaaaatg tgagggtgaat gggcagaacg agcatcctgt 480
    cttcgcttac ctgaaggaca agctccccta ccttatgat gaccattttt cctcatgac 540
    cgatcccaag ctcatcattt ggagccctgt gcgcgcctca gatgtggcct ggaacttga 600
    gaagtctctc atagggccgg agggagagcc cttccgacgc tacagccgca ccttcccaac 660
30  catcaacatt gagcctgaca tcaagcgcct ccttaaagt gcatataga tgtgaactgc 720
    tcaacacaca gatctcctac tccatccagt cctgaggagc cttaggatgc agcatgcctt 780
    caggagacac tgctggacct cagcattccc ttgatatcag tccccttcac tgcagagcct 840
    tgcccttccc ctctgectgt ttcccttttc tctcccaacc ctctggttgg tgattcaact 900
    tgggctccaa gacttgggta agctctgggc cttcacagaa tgatggcacc ttcctaaacc 960
35  ctcatgggtg gtgtctgaga ggcgtgaagg gcctggagcc actctgctag aagagaccaa1020
    taaagggcag gtgtggaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaa 1065

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 648 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120:

5
 10
 15
 20
 25
 30
 35
 40
 45
 50

```

ggactgcggt cgtagtctc cggcgagttg ttgcctgggc tggacgtggt tttgtctgct 60
gcgcccgctc ttccgcgtct cgtttcattt tctgcagcgc gccagcagga tggcccacaa120
gcagatctac tactcggaca agtacttcga cgaacactac gagtaccggc atgttatgtt180
accagagaa ctttccaaac aagtacctaa aactcatctg atgtctgaag aggagtggag240
gagacttggt gtccaacaga gtctaggctg ggttcattac atgatctatg agccagaacc300
acatattctt ctcttttagac gacctcttcc aaaagatcaa caaaaatgaa gtttatctgg360
ggaatcgtaa atctttttca aatttaattg atatgtgtat ataaggtagt attcagtga420
tacttgagaa atgtacaaat ctttcattcca tacctgtgca tgagctgtat tcttcacagc480
aacagagctc agttaaatgc aactgcaagt aggttactgt aagatgttta agataaaagt540
tcttcagtc agtttttctc ttaagtgcct gtttgagttt actgaaacag tttacttttg600
ttcaataaag tttgtatgtt gcatttaaaa aaaaaaaaaa aaagtcga 648
  
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1842 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121:

45
 50

```

ctcgagccgc tcgagccgct gctctctgga gggggtagag atcaaaggcg gtccttccg 60
acttctccaa gagggccagg cactggagta cgtgtgtcct tctggttct acccgtaacc 120
tgtgcagaca cgtacctgca gatctacggg gtcttgagc accctgaaga ctcaagacca 180
aaagactgtc aggaaggcag agtgcagagc aatccactgt ccaagaccac acgacttcga 240
gaacggggaa tactggcccc ggtctcccta ctacaatgtg agtgatgaga tctctttcca 300
ctgctatgac ggttacactc tccggggctc tgccaatcgc acctgccaag tgaatggccg 360
gtggagtggg cagacagcga tctgtgacaa cggagcgggg tactgtcca acccgggcat 420
ccccattggc acaaggaagg tgggcagcca gtaccgcctt gaagacagcg tcacctacca 480
ctgcagccgg gggcttacc tgcgtggtc ccagcggcga acgtgtcagg aaggtggctc 540
ttggagcggg acggagcctt cctgccaaga ctcttcatg tacgacaccc ctcaagaggt 600
  
```



```

ggccgaagct ttcctgtctt ccctgacaga gaccatagaa ggagtcgatg ctgaggatgg 660
gcacggccca ggggaacaac agaagcggaa gatcgctctg gacccttcag gctccatgaa 720
catctacctg gtgctagatg gatcagacag cattggggcc agcaacttca caggagccaa 780
aaagtgtcta gtcaacttaa ttgagaaggt ggcaagttat ggtgtgaagc caagatatgg 840
5' tctagtgaca tatgccacat accccaaaat ttgggtcāaa gtgtctgaag cagacagcag 900
taatgcagac tgggtcacga agcagctcaa tgaaatcaat tatgaagacc acaagttgaa 960
gtcagggact aacaccaaga aggcctcca ggcaagtgtac agcatgatga gctggccaga 1020
tgacgtccct cctgaagget ggaaccgcac ccgccatgtc atcatcctca tgactgatgg 1080
attgcacaac atgggcgggg acccaattad tgtcattgat gagatccggg acttgctata 1140
10' cattggcaag gatcgcaaaa acccaaggga ggattatctg gatgtctatg tgtttgggt 1200
cgggcctttg gtgaaccaag tgaacatcaa tgctttggct tccaagaaag acaatgagca 1260
acatgtgttc aaagtcaagg atatggaaaa cctggaagat gttttctacc aaatgatcga 1320
tgaaagccag tctctgagtc tctgtggdat ggtttgggaa cacaggaaag gtaccgatta 1380
ccacaagcaa ccatggcagg ccaagatctc agtcattcgc ccttcaaagg gacacgagag 1440
15' ctgtatgggg gctgtgtgtg ctgagtactt tgtgctgaca gcagcacatt gtttctactg 1500
ggatgacaag gaacactcaa tcaaggtcag cgtaggagg gagaagcggg acctggagat 1560
agaagtatgc ctatttcacc ccaactacaa cattaatggg aaaaaagaag caggaattcc 1620
tgaattttat gactatgacg ttgccctgat caagctcaag aataagctga aatatggcca 1680
gactatcagg cccatttgtc tccccgtcac cgagggaaca actcgagctt tgaggcttcc 1740
20' tccaactacc acttgccagc aacaaaagga agagctgctc cccgcagaag agcaaaagaa 1800
gctgtgtttg tccgggggga gaaaaaacc gccccggggg gg 1842

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1596 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122:

```

ggcgggtata aaagccccac ccaggccagc cggtcttgct cagcatttgg ggacgctctc 60
agctctcggc gcacggccca gcttcttcca aaatgtctac tgttcacgaa atcctgtgca 120
50' agctcagctt ggagggtgat cactctacac ccccaagtgc atatgggtct gtcaaacctt 180
atactaactt tgatgctgag cgggatgctt tgaacattga aacagccatc aagaccaaaag 240
gtgtggatga ggtcaccatt gtcaacattt tgaccaaccg cagcaatgca cagagacagg 300
atattgcctt cgcctaccag agaaggacca aaaaggaaact tgcacagca ctgaagtcag 360
ccttatctgg ccacctggag acggtgattt tgggcctatt gaagacacct gctcagtatg 420
55' acgcttctga gctaaaagct tccatgaagg ggctgggaac cgacgaggac tctctattg 480
agatcatctg ctccagaacc aaccaggagc tgcaggaaat taacagagtc tacaaggaaa 540

```

```

tgtacaagac tgatctggag aaggacatta tttcggacac atctggtgac ttccgcaagc 600
tgatgggttg cctggcaaag ggtagaagag cagaggatgg ctctgtcatt gattatgaac 660
tgattgacca agatgctcgg gatctctatg acgctggagt gaagaggaaa ggaactgatg 720
ttcccaagtg gatcagcadc atgaccgagc ggagggggccc cacctccaga aagtatttga 780
5 taggtacaag agttacagcc cttatgacat gttggaaagc atcaggaaaag aggttaaagg 840
agacctggaa aatgctttcc tgaacctggt tcagtgcatt cagaacaagc ccctgtatct 900
tgctgatcgg ctgtatgact ccatagaagg caaggggacg cgagataagg tcctgatcag 960
aatcatggtc tcccgcagtg aagtggacat gttgaaaatt aggtctgaat tcaagagaaa 1020
gtacggcaag tccctgtact attatatcca gcaagacact aagggcgact accagaaagc 1080
10 gctgctgtac ctgtgtggtg gagatgactg aagcccagac cggcctgagc gtccagaaat 1140
gggtctcacc atgcttcag ctaacaggtc tagaaaacca gcttgcgat aacagtcctc 1200
gtggcctacc ctgtgagggg gacgttagca ttaqcccaa cctcatctta gttgcctaag 1260
cattgcctgg ccttcctgtc tagtctctcc tgaagccaa agaatgaac attccaagga 1320
gttgaagtg aagtctatga tgtgaacac tttgqctcct gtgtactgtg tcataaacag 1380
15 atgaataaac tgaatttgta ctttagaaac acgtactttg tggccctgct ttcaactgaa 1440
ttgtttgaaa attaaagtgt cttgggggtc agctggtgag gctgtccctg taggaagaaa 1500
gctctgggac tgagctgtac agtatggtg cccctatcca agtgtcgcta tttaagttaa 1560
atttaaataa aataaataa aataaatca aaaaaa 1596

```

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1033 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

25 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123:

```

gtcgagctg accctcgctc ccgccccgc ctggagtcag acgtggaagt tgctggctga 60
45 ctgggcttgc gaggaaccg cctcgagct gcagccgaag gcaaggaaac actgaagatc 120
ggcgagggag gacaggggtg tcatcatggg tggctttttc tcaagtatat tttccagtct 180
gtttggaact cgggaaatga gaattttaat tttgggatta gatggagcag gaaaaaccac 240
aattttgtac agattacaag tgggagaagt tggtactact atacctacca ttggatttaa 300
tgtagagacg gtgacgtaca aaaaccttaa attccaagtc tgggatttag gaggacagac 360
50 aagtatcagg ccatactgga gatgttacta ttcaaacaca gatgcagtca tttatgtagt 420
agacagttgt gaccgagacc gaattggcat ttccaaatca gagttagttg ccattgttga 480
ggaagaagag ctgagaaaag ccattttagt ggtgtttgca aataaacagg acatggaaca 540
ggccatgact tcctcagaga tggcaaattc acttgggtta cctgccttga aggaccgaaa 600
atggcagata ttcaaacagt cagcaaccaa aggcaccggc cttgatgagg caatggaatg 660
55 gttagttgaa acattaaaaa gcagacagta attcagtcga ttcttctccc ctgaaatgaa 720
gactacatca cctctctccc tttggaaaca gtcaagtgtg cttcacacta ctatagttta 780

```

aaactatatg attattggca tatactgact gactgcaata tttgtagtaa atagggaaaa 840
taagtattta gttggaggga taatttgatc gaatcacctg aatgttctat gtaatgtaaa 900
atattctttt cttgctttct tgtgtaaagg tatatatctt atttgatgg aattcttatt 960
caaatacagt tctattaaag agtatactcc tattggatga aaaaaaccta aaaaaaaaaa 1020
5 aaaaaaaaaa aaa 1033

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- 10 (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 124:

ICLLVHFVSR AKTVNLTFY WWVITENKDL FCSLLKSHK NNQIGSCLLS CVSWFLTCVH60
25 TPVCL 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- 30 (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 125:

45 ISVFRLEFKYL THFQTCTMFY KPLDFQQHTI ENTCSYKHNF SVSSIIVVRD NIAISGMLQA60
FKIA 64

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

- 50 (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 126:

KANLLPATPE GTQIWVGPVF QLGKRMGKPG DGFHKFSSGL WHSFQEIPLG KGLLANMHFQ60
T 61

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 127:

LKNTNEVKAL NWYTLFTPIF QVWKCIFASR PLPRGISWKE CHNPLENLWK PSPGFPIRLP60
SWKTGPTHIW VPSGVAGRRF AF 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

(A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

HTWDPYPLGI SPRTIRPVCQ PKVAFGMLNE PLSKKVHLPN EVTIRLNPCK SLDFVFYKNS60
TFPIKSLVTK ISTLPKCDST AWFLANKNPI 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129:

MVADYGCTIL ILGPFTHRNH TKWPDYFTE QFKYYTLAKS TYSTHPGEGG EKTHTYKTTS60
LDTMCLPTIS SLNNFHQLRC LV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130:

(A) LÄNGE: 70 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130:

RNLVTQMKSG IEDPWTWQVN ADYSLAFPLY LCKEGYTELI LFQAYNFKFY HLNSSTFAAE60
EWNQKNVVSU 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

AIQCEAYFIA TLVDCQGDSA TVLDKLMFPF SLAANRRATY SAGSRARSWG SRGYTSSLII60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPGLPGQA SLLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFLLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLKP180
T 181

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

(A) LÄNGE: 423 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 LSEDEIRTLK QKKIDETSEQ EQKHKETNNS NAQNPSEEEG EGQDEDILPL TLEEKENKEY 60
 LKSLFEILIL MGKQNIPLDG HEADEIPEGL FTPDNFOALL ECRINSGEEV LRKRFETTAV120
 NTLFCSKTQQ RQMLEICESC IREETLREVR DSHFFSIITD DVVDIAGEEH LPVLVRFVDE180
 SHNLREEFIG FLPYEADAEI LAVKFHTMIT EKWGLNMEYC RGQAYIVSSG FSSKMKVVAS240
 RLLEKYPQAI YTLCSSCALN MWLAKSVFVM GVSVALGTIE EVCSFFHRSP QLLELDNVI300
 AVLFQNSKER GKELKEICHS QWTGRHDAFE ILVELLQALV LCLDGINS DT NIRWNNYIAG360
 10 RAFVLCSAVS DFDFTIVTIV LKNVLSFTRA FGKNLQGQTS DVFFAAGSLT AVLHSLNEVS420
 GKY 423

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

15 (A) LÄNGE: 237 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

30 VENIEVYHEF WFEEATNLAT KLDIQMKLPG KFERRAHQGNL ESQLTSESYY KETLSVPTVE 60
 HIIQELKDIF SEQHLKALKC LSLVPSVMGQ LKFNTSEHH ADMYRSDLPN PDTLSAELHC120
 WRIKWKHRGK DIELPSTIYE ALHLPDIKFF PNVYALLKVL CILPVMKVEN ERYENGRKRL180
 KAYLRNTLTD QRSSNLALLN INFDIKHOLD LMVDTYIKLY TSKSELPTDN SETVENT 237

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

40 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRINGSLCP QTKNNLYFHI VELSIGASV GERWYGMGES ILPARGESQG LLCLYFYKEI60
 LPLFLVNKLR GTDVGLEQGL SGEGGSWTA 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 5 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

20 EERAKREEL ERILEENNRK IAEAQAKLAE EQLRIVEEQR KIHEERMKLE QERQROQKEE60
QKIILGKGKS RPKLSFSLKT QD 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

- 25 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

40 SALKVEYLLS CPVSCRVCSS AAIRASFLFK MICTVSLAIP ASAAQPFIKK QHTRKAEI-N60
ADVYGKKEQK M 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

- 45 (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

SSAQRKYFNL PVEILVMERC QTVLNGRTSK SEATVPTRG LLYCSTFSAL YFLAASPWS60
AMYKLG Y 67

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

(A) LÄNGE: 49 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

RAEKVEQYKS PRVVGTVASL LLVLPFKTVW HLSMTRISTG RLKYFLCAE 49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

SCERRGFIMA DDLKRFLYKK LPSVEGLHAI VVSDRDGVPV IKVANDNAPE HALRPGFLST 60
FALATDQGSK LGLSKNKSII CYNTYQVVQ FNRLPLVVSF IASSSANTGL IVSLEKELAPI20

LFEELRQVVE VS

132

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 5 (A) LÄNGE: 126 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

20 QMILLFLESP SLLPWSVARA KVDKKPGRKA CSGALSFATL ITGTPSLSDT TMAWSPSTLG 60
NFLYKNRFRS SAMMNPLLSQ DQSPRLGFLG CLVLSAVTSG TALKTGSSSS HRHMIHDLVC120
APGSTF 126

25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

- (A) LÄNGE: 152 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

SAVKRGWDLN MAAVVAATAL KGRGARNARV LRGILAGATA NKASHNRTRA LQSHSSPEGK 60
EEPEPLSP EL EYIPRKRGN PMKAVGLAW IGFP CGILLF ILTKREVDKD RVKQMKARQN120
45 MRLSNTGEYE SQRFRASSQS APSDPVGSGV QT 152

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

- 50 (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

EGRSAPQVCT PDPTSGDGAL WEEALNLWLS YSPVLDNRMF CRAFTCFTRS LSTSRLVRMK 60
RRIPQKGKMA QASPTAFMGF LPLFLGMYSS SGDRGSGSSL PSGELWLCRA RVLL 114

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

(A) LÄNGE: 267 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

EDEVEEESTA LQKTDKKEIL KKSEKDTNSK VKPKGKVRWT GSRTGRWKY SSNDESESG 60
SEKSSAASEE EEEKESEAI LADDDPCKK CGLPNHPELI LLCDS CSGY HTACLRPPLM120
35 IIPDGWFCP PCQHKLLCEK LEEQLQDLV ALKKKERAER RKERLVYVGI SIENIIPPQE180
PDFSEDEEEK KKDSKKSKAN LLERRSTRTR KCISYRFDEF DEAIIDEAIED DIKEADGGGV240
GRGKDISTIT GHRGKDISTI LDEKIIT 267

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

(A) LÄNGE: 185 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

5 SSEKSGSCGG MMSILIPY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RRQAVWYPLS QESHRRISG WFGPHFLHG SSSSARMAS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVHRT LPLGFTLEFV SFSDFFKISF LSVFCKAVDS180
SSTSS 185

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

10 (A) LÄNGE: 134 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

25 KRQPTSAMKD PSRSSTSPSI INEDVIINGH SHEDDNPF AE YMMENEEEF NRQIEEELWE 60
EEFIERCFQE MLEEEEEHEW FIPARDLPQT MDQIQDQFND LVISDGSSLE DLVVKSNLNP120
NAKEFVPGVK YGNI 134

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

35 (A) LÄNGE: 135 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

50 HSDKRAFTIK SSNTAFTVWK LCYIHQKRAP STQIFPYFTP GTNSFAFGFR LLLTTRSSRE 60
EPSLITRSLN WSWIWSIVCG RSRAGINHSC SSSSSSISWK QRSINSSSHN SSSICLLNSS120
SFSIHMYSAN GLSSS 135

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- (A) LÄNGE: 58 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

LVSGANQCGS CNSKSFITKA WYYRVGFRFF RGGLFDFDFF FFYVIFGKTH SELYLVT 58

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

20

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

FFVLKSLLVG ACYWEQVFVQ KLQSESLCIT ETLFITSLLS LPQKTVGLNK IICILYLYKC60
L 61

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

5

SACKFLRDLP LLTVDQLMYT CIIKALNKSL WLITAKMGTR HLLCVLVTAV ALRAVRPCLI60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

10

(A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

KRDIILNVFS QRSHKRKKNQ NQINHHEKNE TPHGNTKLWL GSSYYYSSHI GWRRKP 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

30

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

IPVHRLHGRA DPLGWSIVSD LITSGLGAGV LRGLPARRLH SLGRRVLGRP GVWLERLGHG 60
RRDALGAWSA AQRPRTPGRP ACVCAPRRGP ESPSADPVPP PGRAGDPSPD DASASGPRGG120
AATKAGPAHD PGQLRPELRV LPPPPRGDRE 150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

(A) LÄNGE: 81 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

15 LPVAAGGRGQ DAQLRPESG VVSRPRLGG APSRSRGRRI GVARVSSPAG RRDRVCGGGL60
GASAGRAHAG GAARGAGPLR G 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 214 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

35 PGSQSVTPPM AEPLQDPGA AEDAAAQAVE TPGWKAPEDA GPQPGSYEIR HYGPAKWVST 60
SVESMDWDSA IQTGFTKLS YIQGKNEKEM KIKMTAPVTS YVEFGSGPFS ESTITISLYI120
PSEQQFDPPR PLESDVFIED RAEMTVFVRS FDGFSSAQKN QEQLLTLASI LREDGKVFDE180
KVVYTAGYNS PVKLLNRNNE VWLIQKNEPT KENE 214

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

PNFYRGFIFN LTMCGGLSCL NLFRAVCSVH QMGRSGMGHL RPFRRSGLNRM LEPRLDSDTL60
RF 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

(A) LÄNGE: 104 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

IHLPKKLISF YLRGEVQFSF GSSESKHLIC VVWKTFFLAF YVLSHNNSIK QEGKQKTKKK 60
KGKKKNLHGL VSLTKHVGAV CLGGAGYRTC QCLGFSINLA RDIK 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

(A) LÄNGE: 80 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

SLLSRRIKQ NTSPARLTCV YIIYIKQRATP TSQQLGEISA VHAVVCQFGE ITPWKNWKNL60
LAGKNSFICI KSVLQKNPCG 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

PSIDLEAEES QRLKVVWVF SFKKLLFLES RIYGYNVCSL FVHKIKPFKK LKKKKKRGEK60
KREKGGKGRK RRGEE 75

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

KYLTLPYKLL VPFCIPPSIT LTKGIFYCKE YFILIYTSHE FLPLVTIQML PSATIQIAQP60
FYVHNSLL 68

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

LFFLFRYHTV PLPPKGRVLI HWMTLCQTQM KLMAIPLVFQ IMFGILNGLY HYAVFEETLE60
KTIHEE 66

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

TRLKGDGRGGV HFLKALRRGG LRASLLYLLE KYRLVFLLSI CVRGMVSSVK SFLVGEQLLS 60
ISEPRFKMSV CKCSFLSTTS TFVPISSDSK KVSSYFSLCS ESLAEQNLFM MPEVFCSEQK120
FDEPNDLSF FFTRLFSSLV TLRVSPHAPA SEMQTVLSS 159

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

(A) LÄNGE: 439 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

KSLLETSSKF PLISFSSPQG LKFRSKSSLA NYLHKNGETS LKPEDFDFTV LSKRGIKSRV 60
KDCSMAALTS HLQNSNNNSN WNLRTSRKCK KDVFMPPSSS SELQESRGLS NFTSTHLLK120
EDEGVDDVNF RKVRKPKGV TILKGPIKK TKKGCRKSCS GFVQSDSKRE SVCNKADAES180

5 EPVAQKSQLD RTVCISDAGA CGETLSVTSE ENSLVKKKER SLSSGSNFCS EQKTSGLINK240
FCSAKDSEHN EKYEDTFLES EEIGTKVEVV ERKEHLHTDI LKRGSEMDNN CSPTRKDFTE300
DTIPRTQIER RKTSLYFSSK YNKEALSPPR RKAFKKWTPP RSPFNLVQET LFHDPWKLLI360
ATIFLNRTSG KMAIPVLWKF LEKYPSAEVA RTADWRDQSE LLKPLGLYDL RAKTIVKFSD420
EYLTKQWKYP IELHGIGAP 439

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- 10 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

25 DCGKVQTMQ FALTNFLGLI SLCKTPVLSF LPQDRVQSFL KHALRCPHLR HCFVDTLKGV60
HKAKKSDQML RASNLYLTTW TWHWQKSLQH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 30 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

45 SDFCQCHVQV VRYKLLALSI WSDFFALWTP LRVSTKQCLR CGHLRACFRK LCTLSCGRKE60
RTGVLHKEIS PRKLVNANCI CVCTLPQSYI VF 92

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 50 (A) LÄNGE: 91 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

15 AD SHQNYIPW PPACVLLARP WLASLTREKD LQKIRLWDHF VCALGMTFFP TPGKPLGLSE60
TLWLANHMQVS LKVERLSNPP IPREFQSDV I 91

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

20 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

35 NGGLNAHLAS ASEFDHSGVQ LIEREEECI FYEKINIQEK MKLNGEIEIH LLEEKIQFLK60
MKIAEKQRQI CVTQKLLPAK RSLDADLAVL QIQFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

40 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

5 KTEFGAQLGR HPGTSLAVI SGSHKVFAS QSSFSGIGS FLPVDVFQFL HLVSSSLGYL60
FFHKKCIFLL PALSAERHYG QIQRQLSGH 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

- 10 (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 20 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

25 AVRSRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKVRHPCFWT QSLYSDQLVL HMNFLICLST SA 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

- 30 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

45 VKRLCPKTRM PYLICINWNI MKWRYILSFL IFEEDSVLQG EGRGALLGAE AAHSAGVLPP60
PLPQSHQPAR GAD 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 50 (A) LÄNGE: 130 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

15 RRQRKAEPGA CALGRVGSEC IPEPGARRTA QAAGLRVSG AANTKVRELK HFRFLGLLRS 60
CRSEMEVDAP GVDGRDGLRE RRGFSEGGRQ NFDVRPQSGA NGLPKHSYWL DLWLFILFDV120
VVFLFVYFLP 130

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

20

(A) LÄNGE: 62 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

ILKMATNFLN KEDRTLNRRI SHLQGTLPFI LHFVTNLQNS INWVGfHPFL AKFLKLNPLV60
RV 62

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

5 AVYCILHQQK VLRLYKRALR HLESWCVQRD KYRYFACLMR ARFEEHKNEK DMAKATQLLK 60
EAEDEFWYRQ HPQYIFPDS PGGTSYERYD CYKVPEWCLD DWPSEKAMY PDYFAKREQW120
KKLRRESWER EVKQLQEETP PGGPLTEALP PARKEGDLPP LWYIVTRPR ERPM 174

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- 10 (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

25 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRMAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVPAYKAA120
TPFADVVCNI R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- 30 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

50 LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPLLSVQ LWHAQRFLLD SWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHD L KDTQYLLNS 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- (A) LÄNGE: 140 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

KVLRKLGPE EASGMAGAG PTMLREENG CCSRRQSSSS AGDSGGERED SAAERARQQL 60
EALLNKTMRI RMTDGRITLVG CFLCTDRDCN VILGSAQEFL KPDSFSAGE PRVLGLAMVP120
GHHIVSIEVQ RESLTGPPYL 140

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SLKGKRHRGQ RYGGPVRLSL CTSMETMWCP GTMARPSTRG SPAEKESDGL RNSCAEPRMT 60
LQSRVQRKQ PTSVRPSVMR MRIVLLSSAS SCCRARSAAE SSRSPSESPA LELL 114

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

RLSRLTEPKE DPMAGISTAE HHLDPSTAALP TQLSRSRHSP QVISTDGGET RGCGRQERKA60
ERRVCKNAKV TFPIVGGKCQ RHWFCCHRQS EHLEL 95

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

(A) LÄNGE: 131 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

RRVQHPPFFS QLIRDAAKRT FRITRLQAFS KYLVVYVYLN GSMLPVPSPC PLCQPPVALV 60
LVSEFPSSAKR PWNLNGGCFA LGGSCWWDQS FDKPPAPWWH LSWKDVTTPG AQTACGSRTS120
30 AFGIFLPQWG R 131

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

35 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

50 TAPCCRCPPAP VPSVNPLSLW CWFRSRLQON DLGTSMGAAL LWEVLVGGTR ALTNLLLLGG 60
TSPGRTSQLQ VLRLPVAAEP VPLAFSSHNG EGDFGILTNS SLGLSLLPST ASRFSSICAY120
YLRTVSAP 128

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

- 5 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

20 DSRVYCFSGN YRKLVLPRKT GAIRNGSNIS KLRKQDVLSF AHLGFLLPF SLFSLRSLFQ60
FPSDLPLVPL ESQRL 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

- 25 (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

40 LGDSESMPLL ALKCPVRLLG TLEPSEILII LGSSPYFQMF SAQHWVLSST TENPEEKGR60
FP 62

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

- 45 (A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

PHPSRRLTQG RWVRKSRVAM EKIPVSAFLR LVALSYNLAR DSTVKPGAKK DRKESRAKLR60
QTLRSWGEQ LIWTQTYEEA LYKSRLATN 89

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

(A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

GNPELPWRKF QCQHSCALWR SPTIWPGIAQ SNLEPKRTGR SLEPNCARPS PEVGVNNSSG60
LRRMKKLYIN RD 72

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

35

(A) LÄNGE: 125 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

SLGHRPRNGG HSRGCDLGGL HAHSPDPRLQ GAGLQQAQNA AYSVSLPPGC VGHLPWHLRL 60
HHRTGREHRA HTLLPLWDPL FHLLLLPAGS CCQSDQARPG EEAPFPVGDS GSGRGLQPSP120

GCYRY

125

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 5 (A) LÄNGE: 200 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

20 RGRDSCPRSP PALRSSPAAL LRAGSSTKFT ANALALGSRM ATTVPDGCRN GLKSKYYRLC 60
DKAEAWGIVL ETVATAGVVT SVAFMLTLPI LVCKVQDSNR RKMLPTQFLF LLGVLGIFGL120
TFAFIIGLDG STGPTRFFLF GILFSICFSC LLAHAVSLTK LVRGRKPLSR LVILGLAVGF180
25 SLVQDVIAIE YIVLTMNRTK 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 30 (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 40 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

45 AEAHGQTQNH QPGKGLPPPD ELGQTDMSQ QAGEADGKED PKEEEACGPC APVQSDDEGE 60
GEAKDAQHTQ EEEKLSRQHF SPVGVHLHAD EDRESEHEGH RGHNPGCGHR F 111

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 50 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:

5 KTTIHGPCQN HLPPPHCFK RPGLSKGDP IDSSQEGFRA SIRAWPVLAP LLSEQQGFQG60
SGWHESLSLF SCSFMTNVPR TQ 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

10 (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

25 RPPSSRSSL AGQNTQHS SARES 25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

30 (A) LÄNGE: 71 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

45 TMPSSLSSRR LNSLKRVSR IIQATKLSKL MPSSLHAYRR AMVCCTWLLR VKPAFLRAVL60
ISWASMVPEW L 71

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

50 (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

IRRNTSRISV HTWRRTPPYD SPACFSCSIV SLESGGFFSC VSVFFSFDLS NFSISAISGL60
SDMVAEEKQS EAHEYERQFL ASRRSG 86

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

HPFSTFPTLP PQAGKFDATL LASQCILGGA RLLTIRLLAS PVQSFLWKAV DFSLASLSSS 60
VSTYRISRSQ PYRVCQTWLR RKSKARRTST SDSSRLAAV A 101

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 100 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

TPFPSSQLYP LKQVNSTQHF SHLSAYLAH ASLRFACLL LFNRFGRQW IFLLRLCLLQ 60
FRLIEFLDLS HIGFVRHGCG GKAKRGARVR ATVPRVSPQW 100

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

(A) LÄNGE: 153 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

10

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

GLTDQYLELN ALQEELGPFG LVILGFPSNQ FGKQEPGENS EILPSLKYVR PGGGFVFNFO 60
LFEKGDVNGE KEQKFYTFK NSCPPTAELL GSPGRLEWEP MKIHDIRWNF EKFLVGPDI120
PVMRWYHRTT VSNVKMDILS YMRRQAALSA RGK 153

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

30

(A) LÄNGE: 249 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

45

LMPPPPYPL PIMQGPGRGS SGRKPHSQSF YPHPRFSFLL HKRQAWHNCV SEPLWTRDNC 60
PSVCMATQPR ICLLETQGS ICVYGLAHP HIFFSFLFQM SPKETQVLGP MVLLKPEHHS120
WGQHLPHAHT THHQPPSSFL KDPPEPPSPS HSAPETSQDN CERDGRVPQV RGGVSMKEGP180
EALVGGPPLS PSVVPALSAF RLRLPGRDTT PAPLEDMLSS HSVHWYLNTP ICPVKVFLQQ240
KKKRKKKKK 249

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

15 AGLSAPPPAP LLCRAQAPLA LGPNFSYRHG VRPGSSPGAH LPEARCGGGP RGRSQAQSPQ 60
SSGPVGGRRR SGSKARTPQL FRLQQQLQRF GHGCEVPRCW LQAAREHPGQ GQEAQSEEEG120
EGQEGEGQEE GGSPLKGPQG GSLNLPLCLR VPTTWS 156

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

DPTSLTAMEF DLGAALEPTS QKPGVGAGHG GPKLSPHKV QGRSEAGAGP GPKQGHSSS 60
DSSSSSSDSD TDVKSHAAGS KQHESIPGKA KKPVKKKKEK GKKEKGKKKE APH 113

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 162 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
45 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

5 GGPPPPKHL S R W L V L V G R E E G L M S P V Q G P S V G S L L L L A L L L A L L L L H F G L L G L A R D A 60
L V L L G A S S V G L H I R V R I A G A A A G V G R A V V S L L W T R T C P C L R P A L N F V G T E L G I S P V A R P H 120
T G L L G G G L Q G C S Q V E L H G G K R S W V L R P R A P G P C R G A E Q G E E R 162

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

(A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja
20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

VEPWTTTCRAA GAVMADYWK S QPKKFCDYCK CWIADNRPSV EFHERGKNHK ENVAKRISEI 60
KQKSLDKAKE EEKASKEFAA MEAAALKAYQ EDLKRLGLES EILEPSITPV TSTIPPTSTS120
30 NQQKEKKEKK KKR S FKGQMG RRHNL 145

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

35 (A) LÄNGE: 262 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

50 PALSHLPRHQ INRKKRKRRR KKDP SKGRWV EGITSEGYHY YYDLISGASQ WEKPEGFQGD 60
LKKTA VKTVW VEGLSEDGFT YYNTETGES RWEKPD D FIP HTSDLPSSKV NENSLGTLDE120
SKSSDSHSDS DGEQEAEEGG VSTETEKPKI KFKEKNKNSD GGSDPETQKE KSIQKQNSLG180
SNEEKSKTLK KSNPYGEWQE IKQEVESHEE VDLELPSTEN EYVSTSEADG GGEPKVVFKE240

KTVTSLGVMA DGVAPVFKKR RT

262

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- 5 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

20 KGKRRKGKIG VCCNGGSCPE SIPRGFEKTW LRVNFGAKH NTSNQHYPTY LDIKSTERKE60
REEEKILQR ADG 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 208:

- 25 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

IWNFQALKMS MYQLQKLMVA ENPKWYLKKK QSLLELWQM EWPQSSKREE LENGKILGKF60
KGNEVMIQ 68

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 194 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

10 SVHCFREDKM KFTIVFAGLL GVFLAPALAN YNINVNDDNN NAGSGQSVS VNNEHNVANV 60
DNNNGWDSWN SIWDYGNNGFA ATRLFOKKTC IVHKMNKEYM PSIQSLDALV KEKKLQGGKGP120
GGPPPKGLMY, SVNPNKVDDL SKFGKNIANM ORGIPTYMAE EMQEASLFFY SGTCYTTSVL180
WIVDISFCGD TVEN 194

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

VHQALGRWSS WSLTLKLLFL DQCIKGLNGG HDFLVHFVHN ACLLLKESGC SKAISIIIPDG60
IPGVPSVVIV NIGHIVFIVD TH 82

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 119 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

40 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

ELGLNHLWLR VWLEPTAQVP DVLEPEFMER EEKAVSLLLW FNVKEPQLPP LPGREAFGFL 60
LLLLALVAGE VLQDHRLALQ LVLAGLRAHA GRLRFRKALT KASARCAPEG WTSESFASF 119

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

- (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

IICGCVSGLS PLHRSLMYCF QSSWRGRKRL YLCCSGLMSK SRSSLLCLAE KPLAFFFFSL 60
RLWRVKYSRT TALRCSWSSR ACGLMRGVCA SGRPSRRPRP AVLLKAGHRS HSPLSETMHG120
RSHSSFSDRF RRSMT 136

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

- (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

TLETVHQGPV QWAQARHAAT DDSGQALKGR SSRGYFSDK IQMPLLCGYI RNPSTGNKAH 60
FQNYHQRRPP ESYPOAKLRV HCGNRWLYFL HLREQIPASV K 101

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LRCPAFRSTA GRGLREGLPE AQTPRMSPQA REDQLQKAV VLEYFTRHKKR KEKKKKKAKGF 60
SARQRRELRL FDIKPEQQRY SLFLPLHELW KQYIRDLC SG LKPDTPQPMI QAKLLKADLH120
15 GAIISVTKSK CPSYVGITGI LLQETKHIFK IITKEDRLKV IPKLNCVFTV ETDGFISYIY180
GSKFQLRSSE RSAKKFKAKG TIDL 204

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

(A) LÄNGE: 645 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

PTREVAAGSE QQQQSAFIQE RQPVALMRLL SFNVPHIKNS TGEPIWKVLI YDRFGQDIIS 60
PLLSVKELRD MGITLHLLH SDRDPIPDVP AVYFVMPTEE NIDRMCQDLR NQLYESYYLN120
FISAI SRSKL EDIANAALAA SAVTQVAKVF DQYLNFILE DDMFVLCNQN KELVSYRAIN180
RPDITDTEME TVMDTIVDSL FCFFVTLGAV PIIRCSRGTA AEMVAVKLDK KLRENLRDAR240
40 NSLFTGDTLG AGQFSFQRPL LVLVDRNIDL ATPLHHTWTY QALVHDVLDL HLN RVNLEES300
SGVENSPAGA RPKRKNKSY DLTPVDKFWQ KHKGPSFPPEV AESVQOELES YRAQEDVVKR360
LKSIMGLEGE DEGAISMLSD NTAKLTS AVS SLPELLEKKR LIDLHTNVAT AVLEHIKARK420
LDVFEYE EK IMSKTTLDKS LLDIISDPDA GTPEDKMRLF LIYYISTQQA PSEADLEQYK480
KALTDAGCNL NPLQYIKQWK AFTKMASAPA SYGSTTTKPM GLLSRVMNTG SQFVMEGVKN540
45 LVLKQQLPV TRILDNL MEM KSNPETDDYR YFDPKMLRGN DSSVPRNKNP FQEAIVFVVG600
GGNYIEYQNL VDYIKGKQ GK HILYGCSELF NATQFIKQLS QLQ GK 645

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

(A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

GAGPSQLRLH YPRISMAVRQ WVIALALAAL LVVDREVPVA AGKLPFSRMP ICEHMVESPT 60
CSQMSNLVCG TDGLTYTNEC QLCLARIKTQ QDIQIMKDGK C 101

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

QLGWIFYFMS YPLHAHHCSP ADTSWLEVLL WDQHLPSFMI WMSCLVFIRA KQSWHSFVYV 60
SPSPVQTRLD IWEQVGDSTM CSQMGILEKG SFPAATGTSL STTRRAAKAR AITHWRTAML120
ILG 123

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

IKAKFNLNAF FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIQ PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

(A) LÄNGE: 67 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

SFAIPFPWHC TISPIIGQSL GFLGFTMVAT TIRLIDGSNL KKKVMVMDKI SRSREVCYHK60
ITVASTS 67

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

TIISITDSQ LQEVAEQLEI FAALHEVLHI INDRKNLKG LQEVAEQLEL ERIGPQHQA 60
SDSLTGMAF FKMREMFED HIDDAKYCGH LYGLSGSSY VQNGTGNAYE EEANKQS 117

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

(A) LÄNGE: 196 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

15 PTCPIQHFIM MKLWVPSRSL PNSPNHYRSF LSHTLHIRYN NSLFISNTHL SRRKLRVTNP 60
IYTRKRSINI FYLLIPSCRT RLILWIIYIY RNLKHWSTST VRSHSHSIYR LRPSMRTNII120
LRCHSYKPP ISHPYWNPN SRMNLRLLS RQSHLDPILR FPLHLTIYR GPSNRSPPLP180
PRNRKQPNR IKLRCR 196

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

(A) LÄNGE: 174 Aminosäure

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

40 LPSAIEGPTP VSALLHSTI VVAGIFLLVR FHPLTTNNF ILTTILCLGA LTTLFTAICA 60
LTQNDIKKII AFSTSSQLGL IIVTLGINQP HLAFLHICHT AFFKAILFIC SGSIHSLAD120
EQDIRKIGNI TKIIPFTSSC LVIGSLALTG IPFLTGfYsk DLIIEAINTC NTNA 174

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

(A) LÄNGE: 123 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

FLKTTALIIS VLGFLLALEL NNLTIKLSIN KANPYSSFST LLGFFPSIIH RITPIKSLNL 60
SLKTSLTLLD LIWLEKTIPK STSTLHTNIT TLTTNQKGLI KLYFISFLIN IILIIILYSI120
NLE 123

10

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

15

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

30 NMLLAEVRIIS MVIRNSVRYL MNRLMFGSEC IYHEENCIID HVTKRATDVN RIEKKSVLKL 60
ILSSIEFMVT QCQVVIYSI LLWKNINRGK RLIMKENLID VVVYSGKLMC LIRFDIEIRI120
GDSRRMKIK 129

35

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

(A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

FFFFFFFFAIQ MNVYFLNPHR VRAELRDAWH SISHPGSLPR SFFFAGSILD LYHFLQRQYP60
EWQSQVYFKV GVFSGSRGDW IPS 83

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

- 5 (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 15 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

20 SMMFLFKVLVI TVFCGLTVAF PLSELVSINK ELQNSIIDLL NSVFDQLGSY RGTKAPLEDY 60
TDDDLSTDSE QIMDFTPAAN QNSEFSTDV ETVSSGFLEE FTENTDITVK IPLAGNPVSP120
TS 122

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228:

- (A) LÄNGE: 62 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
30 (C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

45 TSTTVFFFPF HLSLPVGCTV CSHALCINIL EIYRSVLYFL YCWILIIKTF TRVLNKSSLT60
RK 62

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- 50 (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ARPCMNSTKA LPHGREHTRL KMSYLKNKM CKSSGWHKTK VNASWGTFLR GLAECVNIID60
FCLCYMTSVT SLKICTIQFQ LWITSVDLCE GFYLCRMGV 99

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

(A) LÄNGE: 63 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

GELQKSSHYH PPELFEMIFF VHEGCSIGGR IYYNMDHLYF CIYLFITRPQ PQSSFSPSTS60
LCL 63

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

INKYRSRDDP YYSIFYHQYC SQNVQKKSFO ITQEDDNGWT FVIHLKDCGR ANSTHCIVCA60
YGGI 64

5 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

(A) LÄNGE: 88 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

10 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

PLFCAILKTC TFYFSDSLTF LIECVLYHAV MLWYYSYRVL PILKTCHFPK RSFDSALEVL60
HKLKSLSNIN MKGGTGCNIY SQVTSLYI 88

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

(A) LÄNGE: 161 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
45 DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLSN NSMAQAMKGV TKAMGTMRQ120
LKLPIQKIM MEFERQAEIM DMKEERIELL HLMIPWVLGK F 161

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

50

(A) LÄNGE: 120 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

15 RRVRTKSFAM MRTASIWPCL AIFLMSAMIF FSWVSSFCRS RSSSRMARFR ALWFCRSSSS 60
GVFRRPNNRS MMVEAHWQAG AGTDTRFRFR VTLLFLGSPT CPPTKAPRSC RRRRRFRGRV120

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

20 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

35 KLPQNPRDHQ MQQFNPLLLH IHDLCPLKL HHDLLDLGQL QLSVHGAGHL GDTLHGLCHR 60
VVGLECLDLE GHSLDVGPHQ YKLAHIAPGA HQVFCHDANS IHLALLGHLL NVCNDFLLLG120
L 121

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

40 (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

5 KTKRSVKDAA KKGQKDVCI LAKEMIRSRK AVSKLYASKA HMNSVLMGMK NQLAVLRVAG 60
SLQKSTVMK AMQSLVKIPE IQATMRELSK EMMKAGIIEE MLEDTFESMD DQEEMEEAE120
MEIDRILFEI TAGALGKAPS KVTDALPEPE PPGAMAASED EGEEEALEA MQSRLATLRS180

10 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

(A) LÄNGE: 111 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

15 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

LMPFQSONLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FEGSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRKKKKK K 111

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

35 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

KICERCCQEG PEGCLHSSGQ GDDQVKEGCE QAVCIQSTHE LSAHGDEEPA RGLASGWFFA 60
50 EEHRSDGHA KSCEDSRDSG HHEGVVQRND EGWDHRGDVR GHF 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

20 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSQVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
CAPSEKFLNM GAPLGVLGL VVSSIGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

- (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

45 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEC SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKP ILPAKYI 147

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

50

- (A) LÄNGE: 196 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

KARRRGTMAA AADERSPEDG EDEEEEEEQLV LVELSGIIDS DFLSKCENKC KVLGIDTERP 60
ILQVDSCVFA GEYEDTLGTC VIFEENVEHA DTEGNNKTVL KYKCHTMKKL SMTRTLLTEK120
15 KEGEENIGGV EWLQIKDNDF SYRPNMICNF LHENEDEEVV ASAPDKSLEL EEEEIQMNHR180
FKPGFVEPGE PIAPWE 196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

(A) LÄNGE: 156 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

PPAPALRHRE TRRPVASLHV GTGALGARSH PPAGSRHLEF WQKQFARRGA DGQEPNKLLR 60
LGAEARTQDG GSGRAWPVTR RRGAGPWRR RRTSGVQRTS KTRKRRSSWF WWNYQELLIQ120
35 TSSQNVKINA RFWALTLRGP FCKWTAVSLT GSMKTL 156

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

(A) LÄNGE: 132 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

RRLEVSYSRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YR 132

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

(A) LÄNGE: 159 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

LEFAISYSVLP VHLCCLSIQL RNCNFWGSSR ICDRNVKLDV KLIFQEVMDI PAFSKPPSSF 60
LVGLQSEPIV VSILVVLHIP DKGLIFLLQS LHPQLTISGS GVSLQHRDLR HNTSRGFIRH120
LGPGRKRNAE VVLPVAYLKA PSSLLWEDET LGCKKTSFE 159

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

(A) LÄNGE: 103 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

ATLPDALPPA TKFFLKAFFD SLPSPIQSYL YIFAVFPSSS GTAISGAVVG YVIGMSNSMS 60
NSYFRRSWIY QHFPNHRVPS LLDSSRNQSL SAFLLFSTYR IRD 103

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

(A) LÄNGE: 285 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFHMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPQ TWEDPGHNDK HTGCCGNDNP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVI AI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FFRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWA LVTKKTNGKR IMLIVQLFVG PLKVC 285

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

(A) LÄNGE: 94 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

TKGLRIAQAQ LCPGSPRCRS QSISRACAL CLRPTQNT TYLRKPGGRK RAVGHKSPAE60
TRVPASVQRS QPPRAHRKSC LASLGLCKNN KCLS 94

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

(A) LÄNGE: 113 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

DPRPSRIQHI SGNPAGASER LAIRAQLKRE YLEQYNPNR RGLIENPALL RWAYARTINV 60
YPNERPTPKN SLMGALCGFG PLIFIYYIIK TERDRKEKLI QEGKLDRTFH LSY 113

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

VFRSGSEIRI DIYCSCIGPT KQGRIFDEPS AVGIVVLKQV LSFQLGSYGQ PLACARRVSG60
DMLYSAGSRV SGRVRRLDGL YFGNDILANQ GTIAPARF 98

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

(A) LÄNGE: 158 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TQVMVQSMFA PTDTSDMEAV WKEAKPEDLM DSKLRCVFEL PAENDKPHDV EINKIISTTA 60
SKTETPIVSK SLSSSLDDTE VKKVMEECKR LQGEVQRLRE ENKQFKEEDG LMRKTVQSN120
SPISALAPTG KEEGLSTRLL ALVVLFFIVG VIIGKIAL 158

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

(A) LÄNGE: 112 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

VNKALPFISK ALGQSVNTRL SLMTSTSDAA TVQFLWASDS VHQSQGADGL DRTEDTESSL 60
GREWATWGLL CGADRTPOHA GLQLPKGQHQ QARKGVILRE VIQHHVPRPT NV 112

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

(A) LÄNGE: 135 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

SKGCSITETV TVDPGSIPL LGLTQYRRGA VVFTLKHTFL SDGFRNLRV VTTSVKGPLN 60
LRSVGGSRTR ICSSSPWPLR RTPSERQRRR GGGLLAGGGG RWREGRGSEF ASLLFLVRLC120
STFLCWQIC FQIDF 135

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

(A) LÄNGE: 189 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

15 SMQSAVSFFF FSLDQKKICL PTISLVVWPT VTIFLCVQRH IGFAFNDLLR LENTIKTNCS 60
ATGQVVYYQI ITSRCQLHIE SFMKFINKEL FFLCGFNKSS RIVQSLVNVI LIIPLNFIICC120
CYLLKYDLFR LLIPLIQEMP RGIPWGN GAS YSVNFSSTF ANIMAEFFLS LVRQLLTEFF180
ILTILSHGI 189

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

(A) LÄNGE: 300 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

40 KSIWKQICQH KNVVEQSLTR KRRDANSPL PSRHRPPPPA SKPPPALRCL SDGVRRLRGHG 60
EDEQILVLDP PTDLKFKGPF TDVVTNLKL RNPSDRKVCF KVKTAPRRY CVRPNSGIID120
PGSTVTVSVM LQPFYDPNE KSKHKFMVQT IFAPPNTSDM EAVWKEAKPD ELMDSKLRCV180
FEMPENDKL NDMEPSKAVP LNASKQDGPM PKPHSVSLND TETRKLMEEC KRLQGEMMKL240
SEENRHLRDE GLRLRKVAHS DKPGSTSTAS FRDNVTSPLP SLLVVIAAIF IGFFLGKFI300

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

10 GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSGLK HEDKRGGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSDDLQ SNVT EETPEG EEHHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAHAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFPALA 247

15

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

35 FVFDSSPVVR SATSTFVLVL QARSITSTMP IKFTFATRIK SISSAHSTST APSTLFQDHH60
DLESRAARA 69

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

(A) LÄNGE: 220 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PGRSMYDRM RRGDDGYDGG YGGFDDYGGY NNYGYGNDGF DDRMRDGRGM GGHGYGGAGD 60
 ASSGFHGGHF VHMRLPFRA TENDIANFFS PLNPIRVHID IGADGRATGE ADVEFVTHED120
 AVAAMSKDKN NMQHRYIELF LNSTPGGSG MGGSGMGGYG RDGMDNQGGY GSVGRMGGMN180
 5 NYSGGYGTPD GLGGYGRGGG GSGGYGQGG MSGGGWRGMY 220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

- 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1105 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear
 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA
 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 25 (C) ORGAN:
 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 258:

AATGAGCCTG GTGTTAGATG AGTTTACAG CTCACTCAGG GTGGTGGGTG TCTCTGCTGT 60
 TCTGGGTA CTGGGTA CTGGGTA CTGGGTA CTGGGTA CTGGGTA 120
 35 AAGGGAGTAT CGTCCTGAAT ATGAACGTCT GAAAAAATCA CTGGCCAACG CAGAGAGCCA 180
 ACAGCAGAGA GAACAACTGG AACGCCTTCG AAAAGATATG GGTCTGTAG CCTTGGATGC 240
 AGGGACTCCC AAAGACAGCT TATCTCCTGT GCTGCACCCT TCTGATTGA TCCTGACTCG 300
 ACCAACATTG GAAGCAGACA GCGATACTGA TGACATTGAC CACAGAGTTA CAGAGGAAAG 360
 CCATGAAGAG CCAGCATTCC AGAATTTTAT GCAAGAATCG ATGGCACAAT ACTGGAAGAG 420
 40 AAACAATAAA TAGGAGACTT TAGCACACTT CACTTGTTTC TAGAAGTCCA GAATTTTGGA 480
 CCTCCACGTG AAAGAACTGT TCTTACCTCT GAACTGGGGG CTCCCATAAG GGATAATTTT 540
 CCTCAGAGTA GCAAAGTTTC TCTTATTAGA GAAATCTTGT GACTCAGATG AAGTCAGGGA 600
 TAGAAGACCC TTGGACCTGG CAGGTTAATG CTGATTATTC CTGGCCTTT CCCTTGTATT 660
 TATGCAAGGA AGGATATACT GAGCTGATAC TCTTCCAAGC CTACAACCTC AAGTTTTATC 720
 45 ATTTGAACTC AAGTACTTTT GCTGCTGAGG AATGGAATCA AAAGAACGTA GTCTCCTGGT 780
 AACCACTCA GATCTCTATT ATTAGGCTAG ATGTATAGCC TCTACTCCCC CAGCTTCTTG 840
 CTCTTGACCC TGCACGTAA GTTGCCCTTC TATTAGCAGC CAAGGAAAAG GGAAACATGA 900
 GCTTATCCAG AACGGTGGCA GAGTCTCCTT GGCAATCAAC CAACGTTGCT ATGAAATATG 960
 CCTCACACTG TATAGCTCAT TATAGGACGT CAGGTTTGTT GAAAAAAGTG GGCAAGACAT1020
 50 GATTAATGAA TCAGAACTCT GTTTCATTGG TGACTTGGAT AAAGACTTTT TAATTTTAA1080
 AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AAAAA 1105

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 (A) LÄNGE: 1088 Basenpaare

- (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 259:

20
 ATTCCAAACA TGGCGGCTCC ACTAGGGGGT ATGTTTTCTG GGCAGCCACC CGGTCCCCCT 60
 CAGGCCCCGC CGGGCCTTCC GGGCCAAGCT TCGCTTCTTC AGGCAGCTCC AGGCGCTCCT 120
 AGACCTTCCA GCAGTACTTT GGTGGACGAG TTGGAGTCAT CTTTCGAGGC TTGCTTTGCA 180
 25 TCTCTGGTGA GTCAGGACTA TGTCAATGGC ACCGATCAGG AAGAAATTCG AACCGGTGTT 240
 GATCAGTGTA TCCAGAAGTT TCTGGATATT GCAAGACAGA CAGAATGTTT TTTCTTACAA 300
 AAAAGATTGC AGTTATCTGT CCAGAAACCA GAGCAAGTTA TCAAAGAGGA TGTGTCAGAA 360
 CTAAGGAATG AATTACAGCG GAAAGATGCA CTAGTCCAGA AGCACTTGAC AAAGCTGAGG 420
 CATTGGCAGC AGGTGCTGGA GGACATCAAC GTGCAGCACA AAAAGCCCGC CGACATCCCT 480
 30 CAGGGCTCCT TGGCCTACCT GGAGCAGGCA TCTGCCAACA TCCCTGCACC TCTGAAGCCA 540
 ACGTGAGCAA AGGGCAGAGG CAGTTGGCCT ATGAGTGGGC TGATGCGTGA GGTGGCCAC 600
 ACATTCCCTC CTGTGGACTT GACATTTTGG AAGAACTCTT TGCCAGATAA TGAGTTCATT 660
 TTAGTTTTAT GCTCCCATTG AAAAATTTTC CACTATTTTT ATAAGCTGTT AATTTCTTGA 720
 GACTTTTATA ACATGTCTGT AGCTTGATAA AACCAAGTAA GTATTTTTTT TTTGTCTTTA 780
 35 GCGAAGTTTA GACTGTGAAT ATGATGACAC AGATTCTTTT TTATGGTGGC TTTGCTTGTT 840
 TTAAATTTTT GCATGACTTT TCATCTTTTT ATGTGTGTTT CCTGTAGTTT GATCCGAAGG 900
 AAAAGAGTAT AGTAGCCTGA GAATCAGGAG ATGGGAGTTT TAGTCGTAGG CCTTATGATA 960
 ATTACCCCGC GGTGGTGTGT AGAAAAGTAT GTAAATTTGC TCTGTTTTAA GACTTTGAAC1020
 TACCTCAAGA AGAGGAATCT AATACAATAT TTGTAATGTT AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA1080
 40 AAAAAAAA 1088

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
 45 (A) LÄNGE: 3292 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 260:

10

ATGCCGAAC TCTGCGCTGC CCCCAACTGC ACGCGGAAGA GCACGCAGTC CGACTTGGCC 60
TTCTTCAGGT TCCCGCGGGA CCCTGCCAGA TGCCAGAAGT GGGTGGAGAA CTGTAGGAGA 120
GCAGACTTAG AAGATAAAC ACCTGATCAG CTAAATAAAC ATTATCGATT ATGTGCCAAA 180
15 CATTTTGAGA CCTCTATGAT CTGTAGAACT AGTCCTTATA GGACAGTTCT TCGAGATAAT 240
GCAATACCAA CAATATTTGA TCTTACCAGT CATTTGAACA ACCCACATAG TAGACACAGA 300
AAACGAATAA AAGAACTGAG TGAAGATGAA ATCAGGACAC TGAACAGAA AAAAATTGAT 360
GAAACTTCTG AGCAGGAACA AAAACATAAA GAAACCAACA ATAGCAATGC TCAGAACCCC 420
AGCGAAGAAG AGGGTGAAGG GCAAGATGAG GACATTTTAC CTCTAACCTT TGAAGAGAAG 480
20 GAAACAAAG AATACCTAAA ATCTCTATTT GAAATCTTGA TTCTGATGGG AAAGCAAAAC 540
ATACCTCTGG ATGGACATGA GGCTGATGAA ATCCCAGAAG GTCTCTTTAC TCCAGATAAC 600
TTTCAGGCAC TGCTGGAGTG TCGGATAAAT TCTGGTGAAG AGGTTCTGAG AAAGCGGTTT 660
GAGACAACAG CAGTTAACAC GTTGTTTTGT TCAAAAACAC AGCAGAGGCA GATGCTAGAG 720
ATCTGTGAGA GCTGTATTCG AGAAGAAACT CTCAGGGAAG TGAGAGACTC ACACCTCTTT 780
25 TCCATTATCA CTGACGATGT AGTGACATA GCAGGGGAAG AGCACCTACC TGTGTTGGTG 840
AGGTTTGTG ATGAATCTCA TAACCTAAGA GAGGAATTTA TAGGCTTCCT GCCTTATGAA 900
GCCGATGCAG AAATTTTGGC TGTGAAATTT CACACTATGA TAACTGAGAA GTGGGGATTA 960
AATATGGAGT ATTGTCGTGG CCAGGCTTAC ATTGTCTCTA GTGGATTTTC TTCCAAAATG1020
AAAGTTGTG CTCTAGACT TTTAGAGAAA TATCCCCAAG CTATCTACAC ACTCTGCTCT1080
30 TCCTGTGCCT TAAATATGTG GTTGGCAAAA TCAGTACCTG TTATGGGAGT ATCTGTTGCA1140
TTAGGAACAA TTGAGGAAGT TTGTTCTTTT TTCCATCNGA TCACCACAAC TGCTTTTAGA1200
ACTTGACAAC GTAATTGCTG TTCTTTTTC GAACAGTAAA GAAAGGGGTA AAGAACTGAA1260
GGAAATCTGC CATTCTCAGT GGACAGGCAG GCATGATGCT TTTGAAATTT TAGTGGAACT1320
CCTGCAAGCA CTTGTTTTAT GTTTAGATGG TATAAATAGT GACACAAATA TTAGNATGGG1380
35 AATAACTATA TAGCTGGCCG AGCATTNNGT ACTCTGCAGT GCAGTGTGAG ATTTTGATTT1440
CATTGTTACT ATTGTTGTTT TTAATAATGT CCTATCTTTT ACAAGAGCCT TTGGGAAAAA1500
CCTNCCANGG GGCAAACTCT GTGATGTCTT CTTTGC GGCTAGCTTGA CTNGCAGTAC1560
TGNNCATTCA CNTCAACGAA GTGAGTGGGA AAATATTNGA AGTTTATCAT GAATTTTGGT1620
TTGAGGAAGC CACAAATTG GCAACCAAAC TTGATATTCA AATGAACTC CCTGGGAAAT1680
40 TCCGCAGAGC TCACCNNAGG GTAACCTGGA ATCTCAGCTA ACNCTCTGAG AGTTACTATA1740
AAGAAACCCN TAAGTGTCCT AACAGTGGAG CACATTATTC AGGAACTTAA AGATATATTC1800
TCGAAACAGC ACCTCAAAGC TCTTAAATGC TTATCTCTGG TACCCTCAGT CATGGGACAA1860
CTCAAATTC AATACGNTCNG GAGGAACACC ATGCTGACAT GTATAGAAGT GACTTACCCA1920
ATCCTGACAC GCTGTGAGCT GAGCTTCATT GTTGGAGAAT CAAATGGAAA CACAGGGGGA1980
45 AAGATATAGA GCTTCCGTCC ACCATCTATG AAGCCCTCCA CCTGCCTGAC ATCAAGTTTT2040
TTCCTAATGT GTATGCATTG CTGAAGGTCC TGTGTATTCT TCCTGTGATG AAGGTGAGA2100
ATGAGCGGTA TGAAAATGNN ACGAAAGCGT CTTTAAAGCA TATTTGAGGG AACACTTTGA2160
CAGACCCAAA GGTCAAGTAA CTTGGCTTTT GCTTTAACAT AAATTTTGA TATTTAAACA2220
CGACCTGGAT TTAATGGTGG ACACATATAT TAACTCTAT ACAAGTAAGT CAGAGCTTCC2280
50 TACAGATAAT TCCGAACTG TGGNAAAATA CCTAAGAGAC TTTTAAAAAT AGGCTTTCTT2340
ATATTTGATA TTTGGAAGAA AAAGCCGTAA GGTGTATGTA GACCACTTAA TCACTAAATA2400
TCTTTGCCTA TAGGACTCCA TTGAATACAT TAGCCATTGA TAATCTACCT GTTTAAATGG2460
CCCCTGTTTG AACTCTCAAG CTTTGAAGAC CTACCTGTTT TTCCAGAAGA GAACGTTGAA2520
AGTGCCATGT TTCCNNTTTG CGTGATCTCT GTTGATGGCA CTCTGGAATT GTTTCACTTA2580
55 AGTCATTTTA GACATAGCAT TTATTATCAC TGTGGNATCT CTACTTGTG GGTGTTATGA2640
ATTCTTTTGA AGNAAATATA TTTTNGAAGA GGTGTGGGNA GGNAAGGAAT ACNATTTTAT2700
NAAATGTTG TAGTGNAAGN CCCACAATTN GACCTTTNGA CTAATANGGA GTTTTAAAGTA2760
TNGTTAAAAA TNCTATACTG GNNACAGNTT ACAAGAAATT ACCGGAGAAA AGCTTGTGAG2820
CTCACCNAAA CAAGGNATTT NCAGTGATGA TTTTGTCTNT TCTTGAACNT TNAAAGAAAN2880
60 CAAATGANCA AAGTTTGAAT NGGAAAAGCC TGCTGTTGTT CCNACATCTC NGTTGCTGTT2940
NNTACANTTC CNNNTTTGTG GAGNCCTACN ATCTTNCCTA AGCTTTTTNA GCANGGTATA3000

TNGTTGAACA CTTCTNGTTT CATGGTTGAG ACAGAATCAG AGGCCATGGA TACTGACAAC3060
 TGATTTGTCT GTTTTTTTTC TCTGTCTTN TTCCATGACT CTTATATACT GCCTCATCTT3120
 GATTTATAAG CNAAAANCCT GGANAAACCT ANCAAAATAA GTGTTGTGGT TTATCTAGAA3180
 AAATATGGAA AATATTGCTG TTATTTTGG TGAAGAAAAT CNAATTTTGT ATAGTTTATT3240
 5' TCAATCTAAA TAAAATGTGA ATTTTGTGA AAAAAAAAAA AAAAAAAAAA AA 3292

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 10 (A) LÄNGE: 1196 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel.
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- 20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 261:

30 GGTAGAAAAT GCAATAAATT CTGGGACAAT GCCCAGACCT CTGGCATAGA GGAGCCTTCT 60
 GAGACAAAGG GTTCTATGCA AAAAAGCAAA TTCAAATATA AGTTGGTTCC TGAAGAAGAA 120
 ACCACTGCCCT CAGAAAATAC AGAGATAACC TCTGAAAGGC AGAAAGAGGG CATCAAATTA 180
 35 ACAATCAGGA TATCAAGTCG GAAAAGAAG CCCGATTCTC CCCCCAAAGT TCTAGAACCA 240
 GAAAACAAGC AAGAGAAGAC AGAAAAGGAA GAGGAGAAAA CAAATGTGGG TCGTACTTTA 300
 AGAAGATCTC CAAGAATATC TAGACCCACT GCAAAGTGG CTGAGATCAG AGATCAGAAA 360
 GCTGATAAAA AAAGAGGGGA AGGAGAAGAT GAGGTGGAAG AAGAGTCAAC AGCTTTGCAA 420
 AAAACTGACA AAAAGGAAAT TTTGAAAAAA TCAGAGAAAG ATACAAATTC TAAAGTAAGC 480
 40 AAGGTAAAAC CCAAAGGCAA AGTTCGATGG ACTGGTTCTC GGACACGTGG CAGATGGAAA 540
 TATTCAGCA ATGATGAAAG TGAAGGGTCT GGCAGTGAAA AATCATCTGC AGCTTCAGAA 600
 GAGGAGGAAG AAAAGGAAAG TGAAGAAGCC ATCCTAGCAG ATGATGATGA ACCATGCAAA 660
 AAATGTGGCC TTCAAACCA TCCTGAGCTA ATTCTTCTGT GTGACTCTTG CGATAGTGGA 720
 TACCATACTG CCTGCCTTCG CCCTCCTCTG ATGATCATCC CAGATGGAGA ATGGTTCTGC 780
 45 CCACCTTGCC AACATAAACT GCTCTGTGAA AAATTAGAGG AACAGTTGCA GGATTGGAT 840
 GTTGCCTTAA AGAAGAAAGA GCGTGCCGAA CGAAGAAAAG AACGCTTGGT GTATGTTGGT 900
 ATCAGTATTG AAAACATCAT TCCTCCACAA GAGCCAGACT TTTCTGAAGA TCAAGAAGAA 960
 AAGAAAAAAG ATTCAAAAAA ATCCAAAGCA AACTTGCTTG AAAGGAGGTC AACAGAACA1020
 AGGAAATGTA TAAGCTACAG ATTTGATGAG TTTGATGAAG CAATTGATGA AGCTATTGAA1080
 50 GATGACATCA AAGAAGCCGA TGGAGGAGGA GTTGCCGAG GAAAAGATAT CTCCACCATC1140
 ACAGGTCATC GTGGGAAAGA CATCTCTACT ATTTTGATG AAAAAATAAT AACGGC 1196

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 1467 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 262:

20

```
AAGGACGCTT GCCTTTTTC GGTGCGGGAA GGGGGAAGAA GGTAACCTCC GGTGACGGGG 60
TTGCATCACT TCCTOTCAAG CTTGGGCGTT TGTTTGGTGG GGTTACACGC GGGTTCAACA 120
TGCCTATCGA AAAGTGTAT TTCTGTTCCG GGGCCATCTA TCCTGGACAC GGCATGATGT 180
25 TCGTCCGCAA CGATTGCAAG GTGTTTCAGAT TTTGCAAATC TAAATGTCAT AAAAAGCTTTA 240
AAAAGAAGCG CAATCCTCGC AAAGTTAGGT GGACCAAAGC ATCCCGGAAA GCAGCTGGTA 300
AAGAGCTTAC AGTGGATAAT TCATTGAAT TTGAAAAACG TAGAAATGAA CCTATCAAAT 360
ACCAGCGAGA GCTATGGAAT AAAACTATTG ATGCGATGAA GAGAGTTGAA GAAATCAAAC 420
AGAAGCGCCA AGCTAAATTT ATAATGAACA GATTGAAGAA AAATAAAGAG CTACAGAAAG 480
30 TTCAGGATAT CAAAGAAGTC AAGCAAAACA TCCATCTTAT CCGAGCCCCT CTTGCAGGCA 540
AAGGGAAACA GTTGAAGAG AAAATGGTAC AGCAGTTACA AGAGGATGTG GACATGGAAG 600
ATGCTCCTTA AAAATCTCTG TAACCATTTC TTTTATGTAC ATTTGAAAAT GCCCTTTGGA 660
TACTTGGAAC TGCTAAATTA TTTTATTTT TACATAAGGT CACTTAAATG AAAAGCGATT 720
AAAAGACATC TTTCTGTCAT TGCCATCTAC ATAATATCAG ATATTACGGA TGTTAGATTG 780
35 CATCTCAGTG TTAAATCTTT ACTGATAGAT GTACTTAAGT AAATCATGAA AATTCTACTT 840
GTAACATAG AAGTGAATTG TGGACGTAAA ATGGTTGTGC TATTTGGATA ATGGCACTAG 900
GCAGCATTTG TATAGTAACT AATGGCAAAA ATTCATGGCT AGTGATGTAT AAAATAAAAT 960
ATTCTTTGCA GTAAAATATT CCCTTTGTTA ATGTTATAGA AGGGGGGATA CAAAAGGAA1020
CTAACAATTT GTATGGCAGT GTCAGATATT TTTATTTTAG TATTTCTGT TTTGGTTTAT1080
40 TTGCATCTTA GAAGAGCATA ATGACATTGT TTGATGAAGC CTAATTATGC TGGACTGTTT1140
TGACCTGGTT TAACCCTTCT GATAGGTAGT TGTGGATGCT GGGGATGAGA ACTGAATAAT1200
CTTTGCCTGG AGTGACACTA CACTCTAGAA TTTCCACTTT GGAGAATACT CAGTTCCAAC1260
TTGTGATTCC TGATAGAACA GACTTTACTT TTCTAGCCCA GCATTGATCT AGAAGCAGAG1320
GAATCCCAGC GCCTTTTAAA AGTTGTTATG TGGTTTTCTT TTTAAAGCT CCTGTTTTTG1380
45 GAAAGTAGAA TTTATGGGTA CAACGTATGT TCATTATTG TACATAAAAT AAAACCATT1440
AAAAAGTAAA AAAAAAAAAA AAAAAAC 1467
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 739 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 263:

15

CGGCTCGAGC CCCGCTCAGT CACCCGCAGC AGGCGTGCAG TTTCCCGGCT CTCCGCGCGG 60
CCGGGGAAGG TCAGCGCCGT AATGGCGTTC TTGGCGTCGG GACCCTACCT GACCCATCAG120
CAAAAGGTGT TGC GGCTTTA TAAGCGGGCG CTACGCCACC TCGAGTCGTG GTGCGTCCAG180
20 AGAGACAAAT ACCGATACTT TGCTTGTTG ATGAGAGCCC GGTTTGAAGA ACATAAGAAT240
GAAAAGGATA TGGCGAAGGC CACCCAGCTG CTGAAGGAGG CCGAGGAAGA ATTCTGGTAC300
CGTCAGCATC CACAGCCATA CATCTCCCT GACTCTCCTG GGGGCACCTC CTATGAGAGA360
TACGATTGCT ACAAGGTCCC AGAATGGTGC TTAGATGACT GGCATCCTTC TGAGAAGGCA420
ATGTATCCTG ATTACTTTGC CAAGAGAGAA CAGTGGGAAGA AACTGCGGAG GGAAAGCTGG480
25 GAACGAGAGG TTAAGCAGCT GCAGGAGGAA ACGCCACCTG GTGGTCCTTT AACTGAAGCT540
TTGCCCCCTG CCCGAAAGGA AGGTGATTG CCCCCACTGT GGTGGTATAT TGTGACCAGA600
CCCCGGGAGC GGCCCATGTA GAAAGAGAGA GACCTCATCT TTCATGCTTG CAAGTGAAAT660
ATGTTACAGA ACATGCACTT GCCCTAATAA AAAATCAGTG AAATGGAAAA AAAAAAAAAA720
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 739

30

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 2146 Basenpaare

35

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

40

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 264:

```

TTTTTTTTTT TTTTTTTTTT TCCCAGGCC TCTTTTATT TACAGTGATA CCAAACCATC 60
CACTTGCAAA TTCTTTGGTC TCCCATCAGC TGGAAATTAAG TAGGTACTGT GTATCTTTGA 120
GATCATGTAT TTGTCTCCAC CTTGGTGGAT ACAAGAAAAGG AAGGCACGAA CAGCTGAAAA 180
5 AGAAGGGTAT CACACCGCTC CAGCTGGAAT CCAGCAGGAA CCTCTGAGCA TGCCACAGCT 240
GAACACTTAA AAGAGGAAAG AAGGACAGCT GCTCTTCATT TATTTTGAAA GCAAATTCAT 300
TTGAAAGTGC ATAAATGGTC ATCATAAGTC AAACGTATCA ATTAGACCTT CAACCTAGGC 360
TATTTAATAA TACACCACAC TGAAATTATT TGCCAATGAA TCCCAAAGAT TTGGTACAAA 420
TAGTACAATT CGTATTTGCT TTCCTCTTTC CTTTCTTCAG ACAAACACCA AATAAAATGC 480
10 AGGTGAAAGA GATGAACCAC GACTAGAGGC TGACTTAGAA ATTTATGCTG ACTCGATCTA 540
AAAAAAATTA TGTGGTTTAA CGTTAACCTA TCTAAAATCG GGCCCTTTCG GCAAGCCTTT 600
CAAAGGAGGT CAAGTCACAG TCATACAGCT AGAAAAGTCC CTGAAAAAAA GAATTGTTAA 660
GAAGTATAAT AACCTTTTCA AAACCCACAA CGCAGCTTAG TTTTCCTTTA TTTATTTGTG 720
GTATGAAGA CTATCCCAT TTCTCCATAA AATCCTCCCT CCATACCTGT GCATTATGGC 780
15 ACAAAGACT CTAAGTGCCA CCAGACAGAA GGACCAGAGT TTCCGATTAT AAACAATGAT 840
GCTGGGTAAT GTTTAAATGA GAACATTGGA TATGGATGGT CAGATGAAAG CTCGAGCCGA 900
ATTGCGCTCG AGCTTTCATC TGACCATCCA TATCCAATGT TCTCATTTAA ACATTACCA 960
GCATCATTGT TTATAATCAG AAACCTCTGGT CCTTCTGTCT GGTGGCACTT AGAGTCTTTT 1020
GTGCCATAAT GCAGCAGTAT GGAGGGAGGA TTTTATGGAG AAATGGGGAT AGTCTTCATG 1080
20 ACCCAAATA AATAAGGAA AACTAAGCTG CATTGTGGGT TTTGAAAAGG TTATTATACT 1140
TCTTAACAAT TCTTTTTTCA GGGACTTTTC TAGCTGTATG ACTGTTACTT AAACCTATCT 1200
AAATAGAGCA TTTTGGTATC TTTCATCTGA CCATCCATAT CCAATGTTCT CATTTAAACA 1260
TTACCCAGCA TCATTGTTTA TAATCAGAAA CTCTGGTCCT TCTGTCTGGT GGCACCTAGA 1320
GTCTTTTGTG CCATAATGCA GCAGTATGGA GGGAGGATT TATGGAGAAA TGGGGATAGT 1380
25 CTTCATGACC ACAAATAAAT AAAGGAAAAC TAAGCTGCAT TGTGGGTTTT GAAAAGGTTA 1440
TTATACTTCT TAACAATTCT TTTTTCAGG GACTTTTCTA GCTGTATGAC TGTTACTTGA 1500
CCTTCTTTGA AAAGCATTCC CAAAATGCTC TATTTTAGAT AGATTAACAT TAACCAACAT 1560
AATTTTTTTT AGATCGAGTC AGCATAAATT TCTAAGTCAG CCTCTAGTCG TGTTTCATCT 1620
CTTTCACCTG CATTTTATTT GGTGTTTGTC TGAAGAAAGG AAAGAGGAAA GCAAATACGA 1680
30 ATTTGACTAT TTGTACCAAA TCTTTGGGAT TCATTGGCAA ATAATTTTCA TGTGGTGTAT 1740
TATTAATAG AAAAAAAAAA TTTTGTTCCT TAGGTTGAAG GTCTAATTGA TACGTTTGAC 1800
TTATGATGAC CATTTATGCA CTTTCAAATG AATTTGCTTT CAAAATAAAT GAAGAGCAGC 1860
TGTCTCTCTT TCCTCTTTTA AGTGTTTCAGC TGTGGCATGC TCAGAGGTTT CTGCTGGATT 1920
CCAGCTGGAG CGGTGTGATA CCCTTCTTTT TCAGCTGTTC GTGCCTTCCT TTCTGTATC 1980
35 CACCAAAGTG GAGACAAATA CATGATCTCA AAGATACACA GTACCTACTT AATTCAGCT 2040
GATGGGAGAC CAAAGAATTT GCAAGTGGAT GGTTTGGTAT CACTGTAAAT AAAAAGAGGG 2100
CCTGGGAATT CTTGCGATTC CATCTCTAAA AAAAAAAAAA AAAAAA 2146

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

40

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1020 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

45

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 265:

5
 CAAGTAAATG CAGCACTAGT GGGTGGGATT GAGGCTATGC CCTGGTGCAT AAATAGAGAC 60
 TCAGCTGTGC TGGCACACTC AGCGGCTCTG GACCGCATCC TAGCCGCCGA CTCACACAAG 120
 GCAGGTGGGT GAGGAAATCC AGAGTTGCCA TGGAGAAAAT TCCAGTGTCA GCATTCTTGC 180
 TCCTTGTGGC CCTCTCCTAC ACTCTGGCCA GAGATACCAC AGTCAAACCT GGAGCCAAAA 240
 10 AGGACACAAA GGA CTCTCGA CCCAAACTGC CCCAGACCTT CTCCAGAGGT TGGGGTGACC 300
 AACTCATCTG GACTCAGACA TATGAAGAAG CTCTATATAA ATCCAAGACA AGCAACAAAC 360
 CCTTGATGAT TATTCATCAC TTGGATGAGT GCCCACACAG TCAAGCTTTA AAGAAAGTGT 420
 TTGCTGAAAA TAAAGAAATC CAGAAATTGG CAGAGCAGTT TGTCTCCTC AATCTGGTTT 480
 ATGAAACAAC TGACAAACAC CTTTCTCCTG ATGGCCAGTA TGTCCCAGG ATTATGTTTG 540
 15 TTGACCCATC TCTGACAGTT AGAGCCGATA TCACTGGAAG ATATTCAAAC CGTCTCTATG 600
 CTTACGAACC TGCAGATACA GCTCTGTGTC TTGACAACAT GAAGAAAGCT CTCAAGTTGC 660
 TGAAGACTGA ATTGTAAAGA AAAAAAATCT CCAAGCCCTT CTGTCTGTCA GGCCTTGAGA 720
 CTTGAAACCA GAAGAAGTGT GAGAAGACTG GCTAGTGTGG AAGCATAGTG AACACACTGA 780
 TTAGGTTATG GTTTAATGTT ACAACAATA TTTTTTAAGA AAAACAAGTT TTAGAAATTT 840
 20 GGTTTCAAGT GTACATGTGT GAAAACAATA TTGTATACTA CCATAGTGAG CCATGATTTT 900
 CTAACAAAAA AAATAAATGT TTTGGGGGTG TTCTGTTTTT TCCAAAAAAA AAAAAAATAA 960
 AAAAAAATAA AAAAAAATAA AAAAATTGCC CCAAGGGGA CGGGTTACAA TTGGGGGGCG1020

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

25

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1652 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

30

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
 hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 266:

50 AATTCGGATC CATGGGCCAC AGTGGATGGC TTGAAATGTG GCTGAGCGCT TCGGACAATT 60
 CGGATCCATG NNNNGTGGCC ACCCCAAGAC GCGCCCCAGC CCGCCATGGC CCGGATCCTN 120
 NCCGGGNNTC CTGCCTTCTG TCCCTGCTCC TGGCCGGNGT TTGTTCCGCC GGGCCGGGGA 180
 CAAGAGAAGT CTAAGACAGA CTGCCATGGC GGTNATGAGT GGTACCATCT ACGAGTATGG 240
 AGCCCTCACC ATCGATGGGG AGGAATACAT TCCTTTTAAG CAGTATGCAG GCAAATATAT 300
 CCTCTTTGTC AACGTAGCCA GCTACTGAGG TCTGACAGAC CAATACCTTG AACTGAATGC 360
 55 ACTACAAGAA GAACTTGGGC CATTTGGCTN TGGTCATTCT GGGCTTCCCT TCCAACCAAT 420
 TTGGCAAACA GGAGCCAGGC GAGAAGTCGG AGATACTCCC CAGTCTCAAG TATGTTTCGNN 480
 ACCAGGTNNG GGGGCTTGT GNCCTAATTN NNNTCCAGNC TCNTTTGAGA AANNGGANGA 540

TNGTNGAACN GGGGAGNAAA GAGCNAGAAA TTCTACACTT TCCTGAAGAA CTCCTGCCCT 600
 CCCACTGCAG NAACTCCTGG GNCTCANCCT GGCCGCNCTC TTTTGGGAAC CCATGAAGAT 660
 CCATGACATN CCGCTGGAAC TTTGAGAAGT TCCTGGTNGG GGCCNAGANT GGCATACCGG 720
 TTATGCGCTG GTACCACCGG ACCACAGTCN AGCAACGTCN AAGATGGACA TCCTGNTCNT 780
 5 TACATGAGGC GGCAGGCANG CCCTGANGCG CNAGGGGGN AAGTAACTGA NTGCCCNNNC 840
 CACCCTACCC CTACCCTCTG CCCATCATNG CAAGGGCCGA NGGAGGGGCT CTNCAGGAA 900
 GGAAGCCACA TTCCAGTCA TTCTNANCCC CCACCCAGA TTCTCTTNC TTNATTACAT 960
 AAAAGACAAG CCNTGGCACA ACTGTGTGTC TGAACCACTG TNGGACACGT GACAATTGTN1020
 CCCAGTGTGT GCATGGCTAC ACAGNCCACG TATCTGCCCTG CNTTGAAACC CANGGGNATG1080
 10 GTCCATCNTG TNGTTTACGG NCTTGCCACA ACACCCNNTC ATATTTTTTT CAGCNTTTCT1140
 GTTCCAAANN TGAGNNCCA AANNNGAAAC ACNAANGTTC TNAGGTCCNA ATNGGTTCTG1200
 CTCAAANCCN TGANACATNC ATTCNTTGGG GNCCANGCAT CNTCCACAT NGCCACACN1260
 TACACACCAC CNAGCCTCT TCTTCTTNC CTGNAAGGAC CCNTCCNNNN TGAGCCCCCA1320
 AGCCNCATCC CACAGTGCNT CCTGAGACCA GCAAGACAA CTGTGAGCGC GATGGCCGTG1380
 15 TANCCCCAGG TNCAGGGGNT GGTGTCTCTA TGAAGGANN GGNCCCCGNA AGCCCTTGTN1440
 GGGNCGGNGC CTCCTCTGAG CCCNGTCTGT GGTGCCNAGC CCTTAGTGCA TTCAGGCTTA1500
 GGCTCCCNAG GCANGGGACA CTACCCCGC GCCTCTGGAG GACATGCTAT CCTCTCACTC1560
 TGTCCACTGG TATCTCAACA CCCCATCTG CCCAGTAAAG GTCTTTCTGC AGCAAAAAAA1620
 AAAAAA AAAA AAAA AAAA GG 1652

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1409 Basenpaare
 (B) TYP: Nukleinsäure
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 267:

GGAGTGGCCC TCTGTGAGGG GCTCAAATGG TTGCAATTCA TGGCGCGTTA CGACTTGGCT 60
 CACTTAATCA AATCCCTACC AACTCTAACT TGCCGAAGGA AGAACTTGAC CTCTTGGAGA 120
 ACCCTCGATT GGTTTTCTT GGCATTAGA TGTGAAGTA CCCCATGAAG AGCTGCAAAA 180
 ATTCTCAAAG GTGGATTACA GGAGGTGGCA GAACAGTTAG AGCTGGAACG GATAGGACCA 240
 50 CAACATCAGG CAGGATCTGA TTCATTGCTC ACAGGAATGG CCTTTTCAA AATGAGAGAA 300
 ATGTTCTTTG AAGATCATAT TGATGATGCC AAATATTGTG GTCATTGTA TGGCCTTGGT 360
 TCTGGTTCAT CCTATGTACA GAATGGCACA GGAATGCAT ATGAAGAGGA AGCCAACAAG 420
 CAGTCATGAC ATGAAATAGT CCTTTTATTT TTATTTGAG CTACACACAT GCTGTATAT 480
 AGGTTTTATC TCTGGTTGAA TCCCTCGAAC AATAGACAGT ACCTTTCCCC CCCCTTTCAT 540
 55 GGCCCATTTT ATGTCTGCTC TTTCAGTACT AAGTATGACC GTTCCTATCT CAGATCTTAA 600
 TAAAAAGAAA AAAAAAACG CATTCAAGTT AAATTTGGCC TTAATTTAAT ATACTTGTTA 660
 GCAAGCGTGT GTGACAGAGA GTGGGGAAG CTACATCATT GAATATTTTG ATAACTTTA 720
 CCGACTTGAG TTTGGTTTAT TTTTCCCTTT TCCTAAATTA ACTAGCACTG ACTGTAATTT 780


```

ATTTCCTGT TTCACGTC TCCTTCCAT TCTGCAGGAG TTTTAGCTAT TTGAGATCGT 840
GGACCATCAG TTTTGCACCT TAGAGAGTGT TTCTGACTCT AAACCTGTTT TATCAGAAAA 900
TTTGTTTTTT CTTGATCTTA GCTGGAAAAA TCTGCCAACT TTACACAGTA TTTACTTGGT 960
TTTGACCCAC AGAATATAGC ACGTTGTGCA AACTGTGCGT TCAGCGAAAC TAAAAAAGA1020
5 CAAGAACTA CTGAGGAGCT TAGTAACTGC TGTTCCTGTA CGTAGTGTTC AATCTTCCAA1080
GCACATCTAG TGTCTGTCAG TTTCTAATTG GCATGTGTAG GCTGCTCTGT GACTGAAGAA1140
TTTTCAAACC AGCTTTACAC CCTTCAGGAA AAATCCCTGT GATTGGATGG TACTATCTG1200
CCAGGAAGCT GTACCCAGAT GTGAAGCACA GTTATTATGA TAGACACTTC CTGAGTGCTA1260
TTGTATCCAC ACCATTACCT TTTTTTTTAA ATTGGAGCCA TCTATGAGCC TGATTGTGGT1320
10 CGCAACCATT GTAAACCCA GAAAGCCTAG GGATTGGCCA ATAATTGGGG AAATGGTGCA1380
GTCCAAGGA AATGGGATGG CAAAAGAAG 1409

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 900 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 268:

```

CCCACGCGTC CCGGAAACGG CGGCGGCGGC GACAGGACCG AGGGGCCTTA GTTGGTGGGC 60
AAGTCGGGGA TCCCAGAAAG AGAAGCGTGA CCCGGAAGCG GAAACGGGTG TCCGTCCCAG120
40 CTCCGGCCTG CCAGTGAGCT TCTACCATCA TGGACCTATT GTTCGGGCGC CGGAAGACGC180
CAGAGGAGCT ACTGCGGCAG AACCAGAGGG CCCTGAACCG TGCCATGCGG GAGCTGGACC240
GCGAGCGACA GAAACTAGAG ACCCAGGAGA AGAAAATCAT TGCAGACATT AAGAAGATGG300
CCAAGCAAGG CCAGATGGAT GCTGTTTCGA TCATGGCAA AGACTTGGTG CGCACCCGGC360
GCTATGTGCG CAAGTTTGTA TTGATGCGGG CCAACATCCA GGCTGTGTCC CTCAGATCC420
45 AGACACTCAA GTCCAACAAC TCGATGGCAC AAGCCATGAA GGGTGTACAC AAGGCCATGG480
GCACCATGAA CAGACAGCTG AAGTTGCCCC AGATCCAGAA GATCATGATG GAGTTTGAGC540
GGCAGGCAGA GATCATGGAT ATGAAGGAGG AGATGATGAA TGATGCCATT GATGATCCA600
TGGGTGATGA GGAAGATGAA GAGGAGAGTG ATGCTGTGGT GTCCCAGGTT CTGGATGAGC660
TGGGACTTAG CCTAACAGAT GAGCTGTCGA ACCTCCCCTC AACTGGGGGC TCGCTTAGTG720
50 TGGCTGCTGG TGGGAAAAAA GCAGAGGCCG CAGCCTCAGC CCTAGCTGAT GCTGATGCAG780
ACCTGGAGGA ACGGCTTAAG AACCTGCGGA GGGACTGAGT GCCCCTGCCA CTCCGAGATA840
ACCACTGGAT GCCCAGGATC TTTTACCACA ACCCTCTGT AATAAAAGAG ATTTGACACT900

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

55

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1145 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 269:

```
GGGCCCCGCC CAGGCGGCTG CCCGTGACCT GCCTGGGCGC GGGGAAGTGA AAGCCGGAAG 60
GGGCAAGACG GGTTCAGTTC GTCATGGGGC TGTTTGGAAG GACCCAGGAG AAGCCGCCCA 120
AAGAACTGGT CAATGAGTGG TCATTGAAGA TAAGAAAGGA AATGAGAGTT GTTGACAGGC 180
25 AAATAAGGGA TATCCAAAGA GAAGAAGAAA AAGTGAACG ATCTGTGAAA GATGCTGCCA 240
AGAAGGGCCA GAAGGATGTC TGCATAGTTC TGGCCAAGGA GATGATCAGG TCAAGGAAGG 300
CTGTGAGCAA GCTGTATGCA TCCAAAGCAC ACATGAAGTC AGTGCTCATG GGGATGAAGA 360
ACCACTCTGC GGTCTTGCGA GTGGCTGGTT CCCTGCAGAA GAGCACAGAA GTGATGAAGG 420
CCATGCAAAG TCTTGTGAAG ATTCCAGAGA TTCAGGCCAC CATGAGGGAG TTGTCCAAAG 480
30 AAATGATGAA GGCTGGGATC ATAGAGGAGA TGTTAGAGGA CACTTTTGAA AGCATGGACG 540
ATCAGGAAGA AATGGAGGAA GAAGCAGAAA TGGAAATTGA CAGAATTCTC TTTGAAATTA 600
CAGCAGGGGC CTTGGGCAAA GCACCCAGTA AAGTGAAGTGA TGCCCTTCCA GAGCCAGAAC 660
CTCCAGGAGC GATGGCTGCC TCAGAGGATG AGGGGGAGGA GGAAGAGGCT CTGGAGGCCA 720
TGCACTCCCG GCTGGCCACA CTCCGAGCT AGGGGCTGCC TACCCCGCTG GGTGTGCACA 780
35 CACTCTCTC AAGAGCTGCC ATTTTATGTG TCTCTTGAC TACACCTCTG TTGTGAGGAC 840
TACCATTTTG GAGAAGGTTT TGTGTGTCTC TTTTCATTCT CTGCCAGGT TTTGGGATCG 900
CAAAGGGATT GTTCTTATAA AAGTGGCATA AATAAATGCA TCATTTTATG GAGTATAGAC 960
AGATATATCT TATTGTGGG AGGGGAAAGA AATCCATCTG CTCATGAAGC ACTTCTGAAA1020
ATATAGGTGA TTGCCTGAAT GTCGAAGACT CTAATTTTGT CTATAAAACA CTATATAAAT1080
40 GAATTTTAAT AAATTTTGC TTTAGCACTT GGCCCCATTG TAGATTGCC TGTGCAGTAA1140
ACTTT 1145
```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1836 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 270:

15 GTTGCACAT GCAGTGCGCC GGAGGAACTG TGCTCTTTGA GGCCGACGCT AGGGGCCCCG 60
AAGGGAAACT GCGAGGCGAA GGTGACCGGG GACCGAGCAT TTCAGATCTG CTCGGTAGAC 120
CTGGTGCACC ACCACCATGT TGGCTGCAAG GCTGGTGTGT CTCCGGACAC TACCTTCTAG 180
GGTTTTCCAC CCAGCTTTCA CCAAGGCCTC CCTGTTGTG AAGAATTCCA TCACGAAGAA 240
TCAATGGCTG TTAACACCTA GCAGGGAATA TGCCACCAAA ACAAGAATTG GGATCCGGCG 300
TGGGAGAACT GGCCAAGAAC TCAAAGAGGC AGCATTGGAA CCATCGATGG AAAAAATATT 360
TAAAATTGAT CAGATGGGAA GATGGTTTTGT TGCTGGAGGG GCTGCTGTTG GTCTTGGAGC 420
20 ATTGTGCTAC TATGGCTTGG GACTGTCTAA TGAGATTGGA GCTATTGAAA AGGCTGTAAT 480
TTGGCCTCAG TATGTCAAGG ATAGAATTCA TTCCACCTAT ATGTACTTAG CAGGGAGTAT 540
TGGTTTAAAC GCTTTGTCTG CCATAGCAAT CAGCAGAACG CCTGTTCTCA TGAACCTCAT 600
GATGAGAGGC TCTTGGGTGA CAATTGGGCA GACCTTTGCA GCCATGGTTG GAGCTGGAAT 660
GCTGGTACGA TCAATACCAT ATGACCAGAG CCCAGGCCCA AAGCATCTTG CTTGGTTGCT 720
25 ACATTCTGGT GTGATGGGTG CAGTGGTGGC TCCTCTGACA ATATTAGGGG GTCCTCTTCT 780
CATCAGAGCT GCATGGTACA CAGCTGGCAT TGTGGGAGGC CTCTCCACTG TGGCCATGTG 840
TGCGCCAGT GAAAAGTTTC TGAACATGGG TGCACCCCTG GGAGTGGGCC TGGGTCTCGT 900
CTTTGTGTC TCATTGGGAT CTATGTTTCT TCCACCTACC ACCGTGGCTG GTGCCACTCT 960
TTACTCAGTG GCAATGTACG GTGGATTAGT TCTTTTCAGC ATGTTCCCTC TGTATGATAC1020
30 CCAGAAAGTA ATCAAGCGTG CAGAAGTATC ACCAATGTAT GGAGTTCAA AATATGATCC1080
CATTAACTCG ATGCTGAGTA TCTACATGGA TACATTAAAT ATATTTATGC GAGTTGCAAC1140
TATGCTGGCA ACTGGAGGCA ACAGAAAGAA ATGAAGTGAC TCAGCTTCTG GCTTCTCTGC1200
TACATCAAAT ATCTTGTTTA ATGGGGCAGA TATGCATTAA ATAGTTTGTA CAAGCAGCTT1260
TCGTTGAAGT TTAGAAGATA AGAAACATGT CATCATATT AAATGTTCCG GTAATGTGAT1320
35 GCCTCAGGTC TGCTTTTTT TCTGGAGAAT AAATGCAGTA ATCCTCTCCC AAATAAGCAC1380
ACACATTTTC AATTCTCATG TTTGAGTGAT TTTAAATGT TTTGGTGAAT GTGAAACTA1440
AAGTTGTGT CATGAGAATG TAAGTCTTTT TTCTACTTTA AAATTTAGTA GGTTCAGTGA1500
GTAACATAAA TTAGCAAAC CTGTGTTTGC ATATTTTTTT GGAGTGCAGA ATATTGTAAT1560
TAATGTCATA AGTGATTGG AGCTTTGGTA AAGGGACCAG AGAGAAGGAG TCACCTGCAG1620
40 TCTTTTGT TTATAAATAC TTAGAACTTA GCACTTGTGT TATTGATTAG TGAGGAGCCA1680
GTAAGAAACA TCTGGGTATT TGGAAACAAG TGGTCATTGG TTACATTCAT CTGCTGAACT1740
TAACAAAAC GGTTCATCC TGAACAGGG CACAGGTGAA TGCATTCTC CTGCGGTTGG1800
CTCCCAGTG GCCCGCCTT CCATATAGGA TGTGGG 1836

45 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1220 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 271:

15
20
25
30
35

TGAAGTTCTA AGAGCTTTCC AAGTTTGGGA AGGTGTCCGG GTTTTCTGCG ATTACTTCTC 60
TGAGCATGAA CGGAAGTCAC CCTTTGTGCC TTATGCGGTG ATTTTAATGA TAGGTGTCAT 120
ATATAGGACG GAGTAATCTG TTTACATTCT GTTCTTCTCG ATGCACTCAC AAGCGGGTAA 180
CTAGGTGACA AGAAAACAAA GATCTTATTC AAAAGAGGTC TTACAGCAAC CCAACGTCTC 240
ATCTTCCCAT AGTAAAGATG ACGGCGCCTT GAGGTAAGCT ACAGGCAACA CCACTTCCGC 300
GTTTTCTCTT CGCCCTGGTC CAAGATGCGG GATGAAGCCA CGCGACGTGT TGTGTCTGAG 360
ATCCCGGTGC TGAAGACTAA CGCCGGACCC CGAGATCGTG AGTTGTGGGT GCAGCGACTG 420
AAGGAGGAAT ATCAGTCCCT TATCCGGTAT GTGGAGAACA ACAAGAATGC TGACAACGAT 480
TGTTTCCGAC TGGAGTCCAA CAAGGAAGGA ACTCGGTGGT TTGGAAAATG CTGGTATATC 540
CATGACCTCC TGAATATGA GTTTGACATC GAGTTTGACA TTCCTATCAC ATATCCTACT 600
ACTGCCCCAG AAATTGCAGT TCCTGAGCTG GATGGAAAGA CAGCAAAGAT GTACAGGGGT 660
GGCAAATAT GCCTGACGGA TCATTTCAAA CCTTTGTGGG CCAGGAATGT GCCCAAATTT 720
GGACTAGCTC ATCTCATGGC TCTGGGGCTG GGTCCATGGC TGGCAGTGGA AATCCCTGAT 780
CTGATTCAGA AGGGCGTCAT CCAACACAAA GAGAAATGCA ACCAATGAAG AATCAAGCCA 840
CTGAGGCAGG GCAGAGGGAC CTTTGATAGG CTACGATACT ATTTTCCTGT GCATCACACT 900
TAACTCATCT AACTGCTTCC CCGGACACCC TCCACCTCTA GTTGTTACTA AGTAGCTGCA 960
GTAGGCATTG CTGGGGAAGA AACAAACACA CACCAAACAG TACTGCTACT TAGTTTCTAA1020
GGCTGCACAG GGAAGGGAAA GACTGGGCTT TGGACAATCT AGAGGTAATT TATATCCGCC1080
CCCAGGTGGA GCAACATGCG ATTCTGGAGG CACGGGGGTA ACTGAAAGTG AGTACATATA1140
GTCTTTCTGG TTTCTGGAGA TAACCCATCA ATAAAAGCTG CTTCTCTG TAAAAAAA1200
AAAAAAAAA AAAAAAAAAA 1220

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1303 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

BNSDOCID: -WO 005304062 1 -

```

AGAGGAGGGT CCAAAGAGA TGA CTTTGA TGAGTGAAG GCTATTCAA ATAAGGACCG 420
GGCAAAGTA GAATTTAATA TCCGAAAACC AAATGAAGGT GCTGATGGGC AGTGAAGAA 480
GGGATTTGTT CTTCAATAA CAAAGAGTGA AGAGGCTCAT GCTGAAGATT CGGTTATGGA 540
CCATCATTTT CGGAAGCCAG CAAATGATAT AACGTCTCAG CTGGAGATCA ATTTTGGAGA 600
5 CCTTGCCCGC CCAGGACGTG GCGGCAGGGG AGGACGAGGT GGACGTGGGC GTGGTGGGCG 660
CCCAAACCGT GGCAGCAGGA CCGACAAGTC AAGTGCTTCT GCTCCTGATG TGGATGACCC 720
AGAGGCATTC CCAGCTCTGG CTTAACTGGA TGCCATAAGA CAACCCTGGT TCCTTTGTGA 780
ACCCCTCTGT TCAAAGCTTT TGCATGCTTA AGGATTCCAA ACGACTAAGA AATTAAAAAA 840
AAAAAGACTG TCATTEATAC CATTACACACC TAAAGACTGA ATTTTATCTG TTTTAAAAAT 900
10 GAACTTCTCC CGCTACACAG AAGTAACAAA TATGGTAGTC AGTTTGTAT TTAGAAATGT 960
ATTGGTAGCA GGGATGTTTT CATAATTTTC AGAGATTATG CATTCTTCAT GAATACTTTT 1020
GTATTGCTGC TTGCAAATAT GCATTCCAA ACTTGAAATA TAGGTGTGAA CAGTGTGTAC 1080
CAGTTTAAAG CTTTCACTTC ATTTGTGTTT TTTAATTAAG GATTTAGAAG TTCCCCCAAT 1140
TACAAACTGG TTTTAAATAT TGGACATACT GGTTTTAATA CCTGCTTTC ATATTACAC 1200
15 ATGGTCAACT GGGACATGTT AAACCTTGAT TTGTCAAATT TTATGCTGTG TGGAAACTA 1260
ACTATATGTA TTTTAACTTA GTTTTAATAT TTTCATTTT GGGGAAAAAT CTTTTTTCAC 1320
TTCTCATGAT AGCTGTTATA TATATATGCT AAATCCTTAT ATACAGAAAT ATCAGTACTT 1380
GAACAAATTC AAAGCACATT TGGTTTATTA ACCCGTGGCT GCCCTGGCAT GGGGCCATT 1440
TGGGGTCCAA ATTATACTG ATTTACATT TCAGCGATAT TACTTTTAA TGCCTGAGTT 1500
20 CCCATTTAAA ATCTAAGTAG ACACCTAATG GGAAGTGGT TAACCACTAT GTGGTAGCCA 1560
CGGGCCAG 1568

```

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 25 (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- 30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF
 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 35 (vi) HERKUNFT:
 (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

40

```

KQVKCAKVS Y LLFLFYCAI DSCIKFVNAG SSWLSSVTIW SMSSVSLAS NVGRVRIKSE 60
GCSTGDKLSL GVPASKATEP ISFRRRSSCS LCCWLSALAS DFFRRSYSGR YLSYSSAAL120
VTCTKSSSNP VPRTAETPTT LSEL 144

```

45

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- 50 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren
 (B) TYP: Protein
 (C) STRANG: einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

- 55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

Name: 275 Len: 143 Check: 15DA
MSLVLDEFYS SLRVVGVS AV LGTGLDELFV QVTSAAEEYE REYRPEYERL KKSLANAESQ 60
10 QREQLERLR KDMGSVALDA GTPKDSLSPV LHPSDLILTR PTLEADSDTD DIDHRVTEES120
HEEPAFQNFN QESMAQYWKR NNK 143

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

(A) LÄNGE: 181 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

IPNMAAPLGG MFSGQPPGPP QAPPLPGQA SLQAAPGAP RPSSSTLVDE LESSFEACFA 60
SLVSQDYVNG TDQEEIRTGV DQCIQKFLDI ARQTECFFLQ KRLQLSVQKP EQVIKEDVSE120
LRNELQRKDA LVQKHLTKLR HWQQVLEDIN VQHKKPADIP QGSLAYLEQA SANIPAPLP180
35 T 181

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

(A) LÄNGE: 89 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

NELIIWQRVL PKCQVHRKEC VANLTHQPTH RPTASALCSR WLQRCRDVGR CLLQVGQGAL60
RDVGGLFVLH VDVLLQHLPM PQLCQVLLD 89

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 401 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

MPNFCAAPNC TRKSTQSDLA FFRFPRDPA CQKWVENCRR ADLEDKTPDQ LNKHYRLCAK 60
HFETSMICRT SPYRTVLRDN AIPTIFDLTS HLNPHSRHR KRIKELSEDE IRTLKQKKID120
ETSEQEQKHK ETNNSNAQNP SEEEGEGQDE DILPLTLEEK ENKEYLKSLE EILILMGKQN180
IPLDGHEADE IPEGLFTP DN FQALLECRIN SGEEVLRKRF ETTAVNTLFC SKTQQRQMLE240
ICESCIREET LREVRDSHFF SIITDDVVDI AGEHLPVLV RFVDESHNLR EEFIGFLPYE300
ADAEILAVKF HTMITKWL NMEYCRGQAY IVSSGFSSKM KVVASRLLEK YPQAIYTLCS360
SCALNMWLAK SVPVMGVSVA LGTIEEVCSF FHXITTTAFR T 401

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 106 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

MLISGTLSHG TTQIQYXXEE HHADMYRSDL PNPDTLSAEL HCWRIKWKHR GKDIELPSTI 60
YEALHLPDIK FFPNVYALLK VLCILPVMKV ENERYENGTK ASLKHI 106

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

(A) LÄNGE: 398 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

20

GRKCNKFDWN AQTSGIEEPS ETKGSMQKSK FKYKLVPEEE TTASENTEIT SERQKEGIKL 60
TIRISSRKKK PDSPPKVLEP ENKQEKTEKE EEKTNVGR TL RRSPRISRPT AKVAEIRDQK120
ADKKRGEDED EEEEESTALQ KTDKKEILKK SEKDTNSKVS KVKPKGKVRW TGSRTGRWK180
YSSNDESEGS GSEKSSAASE EEEEESEEA ILADDDEPCK KCGLPNHPEL ILLCDSCDSG240
YHTACLRPPL MIIPDGEWFC PPCQHKLCE KLEEQLQDL D VALKKKERAE RRKERLVYVG300
ISIENIIPPQ EPDFSEDQEE KKKDSKKSKA NLLERRSTR RKCI SYRFDE FDEAIDEAIE360
DDIKEADGGG VGRGKDISTI TGHGKDIST ILDEKIIT 398

25

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

(A) LÄNGE: 198 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

30

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

45

SSEKSGSCGG MMFSILIPTY TKRSFLRSAR SFFFKATSKS CNCSSNFSQS SLCWQGGQNH 60
SPSGMIIRGG RQAVWYPLS QESHRRISG WFGRPFLHG SSSSARMASS LSFSSSSSEA120
ADDFSLPDPS LSSLLEYFHL PRVREPVRT LPLGFTLLTL EFVSFSDFFK ISFLSVFCKA180
VDSSSTSSSP SPLFLSAF 198

50

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

(A) LÄNGE: 202 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

10 : (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

15 GRLPFSGRGR GKKVTSQDGV ASLPLKLGRL FGGVTRGFNM RIEKCYFCSG PIYPGHGMMF 60
VRNDCKVFRF CKSKCHKNFK KKRNPVKVRW TKAFRKAAGK ELTVDNSFEF EKRRNEPIKY120
QRELWNKTID AMKRVEEIKQ KRQAKFIMNR LKKNKELQKV QDIKEVKQNI HLRAPLAGK180
GKQLEEKMVQ QLQEDVDMED AP 202

20 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

40 IIHCKLFTSC FPECFGPPNF ARIALLFKVF MTRFAKSEH LAIVADEHHA VSRIDGPRTE60
ITLFDTHVEP ACNPTKQTPK LERK 84

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 206 Aminosäuren

45 (B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

10 RLEPRSVTRS RRAVSRLSAR PGKVSAMAF LASGPYLTHQ QKVLRLYKRA LRHLESWCVQ 60
RDKYRYFACL MRARFEEHKN EKDMAKATQL LKEAEEEFWY RQHPPYIFP DSPGGTSYER120
YDCYKVPWC LDDWHPSEKA MYPDYFAKRE QWKKLRRESW EREVKQLQEE TPGGPLTEA180
LPPARKEGDL PPLWWYIVTR PRERPM 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

15 (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

35 PLVPSFPSAV SSTVLSWQSN QDTLPSQKDA SHLSTILGPC SNRISHRRCP QESQGRMAV 60
DADGTRILPR PPSAAGWPSP YPFHSYVLQT GLSSNKQSIG ICLSGRTTTR GGVAPAYKAA120
TPFADGSGRV PTPRTPLRR 139

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

40 (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPILLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPRWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

- (A) LÄNGE: 80 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

LMMTIYALSN EFAFKINEEQ LSFFPILLSVQ LWHAQRFLLD SSWSGVIPFF FSCSCLPFLY60
PPKWRQIHDL KDTQYLLNSS 80

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

RLSCAGTLSG SGPHPSRRLT QGRWVRKSRV AMEKIPVSFAF LLLVALSYTL ARDTTVKPGA 60
KKDTSKDSRPK LPQTLSRGWG DQLIWTQTYE EALYKSKTSN KPLMIHHLD ECPHSQALKK120
VFAENKEIQK LAEQFVLLNL VYETTDKHLN PDGQYVPRIM FVDPSLTVRA DITGRYSNRL180
YAYEPADTAL LLDNMKKALK LLKTEL 206

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

15 GNPELPWRKF QCQHSCSLWP SPTLWPEIPQ SNLEPKRTQR TLDPCNCPRS PEVGVTNSSG60
LRHMKKLYIN PRQATNP 77

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

20 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

35

GGXGXQLLXP XAXQGXPAA CXXQDVHLXR CXTVVRWYQR ITGMPXXAPT RNFSKFQRXV 60
MDLHGFPKEX GQXEXQEXLQ WEGRSSSGKC RISXSXLPXS TIXXFLKXXW XXIRXQSPXT120
40 WXRTYLR LGS ISEFSPGSCL PNWLEGKPRM TXAKWPKFLL 160

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

(A) LÄNGE: 150 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

RHXPLXLGXH GHRAHSLGW SQXALWDXAW GLXXXGSXQX RKKEAXWCVX VGXVGXCXXP 60
XEXMXXGFEQ NXXGPNXXV SXLGXXXWNR XAEKNMXGCC AKXVNXMDH XXGFQXRQIR120
GLCSHAHTGX NCHVSXSGSD TQLCXGLSFM 150

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

RAAKILKGGL QEVAEQLELE RIGPQHQAGS DSLLTGMAFF KMREMFEDH IDDAKYCGHL60
YGLGSGSSYV QNGTGNAYEE EANKQS 86

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

(A) LÄNGE: 64 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

IKAKENLNAF FFFFLRSEI GTVILSTERQ TIKWAMKGGG KVLIVRGIO PEIKPIYKHV60
CSSK 64

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

(A) LÄNGE: 226 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

20 ASTIMDLLFG RRKTPEELLR QNQRALNRAM RELDRERQKL ETQEKKIIAD IKKMAKQGQM 60
DAVRIMAKDL VRTRRYVRKF VLMRANIQAV SLKIQTLKSN NSMAQAMKGV TKAMGTMNRQ120
LKLPQIQKIM MEFERQAEIM DMKEEMMND A IDDPMGDEED EEESDAVVSQ VLDELGLSLT180
DELSNLPSTG GSLSVAAGGK KAEAAASALA DADADLEERL KNLRRD 226

25 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

(A) LÄNGE: 166 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

45 KILGIHWLSR SGRGTQSLRR FLSRSSRSAS ASARAEAAAS AFFPPAATLS EPPVEGRFDS 60
SSVRLSPSSS RTWDTTASLS SSSSSSPMGS SMASFISSF ISMISACRSN SIMIFWIWGN120
FSCLFMVPMA LVTPFMACAI ELLDLSVWIL RDTAWMLARI NTNLR 166

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

(A) LÄNGE: 233 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

KPEGARRVQF VMGLFGKTOE KPPKELVNEW SLKIRKEMRV VDRQIRDIQR EEEKVKRSVK 60
DAAKKGQKDV CIVLAKEMIR SRKAVSKLYA SKAHMNSVLM GMKNQLAVLR VAGSLQKSTE120
15 VMKAMQSLVK IPEIQATMRE LSKEMMKAGI IEEMLEDTFE SMDDQEEMEE EAEMEIDRIL180
FEITAGALGK APSKVTDALP EPEF GMAAA SEDEGEEEEA LEAMQSRLAT LRS 233

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

20

(A) LÄNGE: 129 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

LMPFQSQNLQ ERWLPQRMRG RRKRLWRPCS PGWPHSAARG CLPRWVCTHS SQELPFYVSL 60
ALHLCCEDYH FGEQSVCLFS FSAQVLGSQR DCSYKSGINK CIIFRSIDRY ILLWGGERNP120
SAHEALLKI 129

40

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

(A) LÄNGE: 351 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

5 TWCTTTMLAA RLVCLRTLPS RVFHPAFTKA SPVVKNSITK NQWLLTPSRE YATKTRIGIR 60
RGRTGQELKE AALEPSMEKI FKIDQMGRWF VAGGAAVGLG ALCYYGLGLS NEIGAIEKAV120
IWPQYVKDRI HSTYMYLAGS IGLTALSAIA ISRTPVLMNF MMRGSWVTIG VTFAAMVGAG180
MLVRSIPYDQ SPGPKHLAWL LHSGVMGAVV APLTILGGPL LIRAAWYTAG IVGGLSTVAM240
10 CAPSEKFLNM GAPLGVGLGL VEVSSLGSMF LPPTTVAGAT LYSVAMYGGL VLFSMFLLYD300
TQKVIKRAEV SPMYGVQKYD PINSMLSIYM DTLNIFMRVA TMLATGGNRK K 351

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- 15 (A) LÄNGE: 147 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

30 RVAPATVVGG RNIDPNEDTK TRPRPTPRGA PMFRNFSLGA HMATVERPPT MPAVYHAALM 60
RRGPPNIVRG ATTAPITPEG SNQARCFGPG LWSYGIDRTS IPAPTMAAKV TPIVTQEPLI120
MKFMRTGVLL IAMADKAVKE ILPAKYI 147

35 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- 40 (A) LÄNGE: 188 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 :

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

RRLEVSYRQH HFRVSLAPWS KMADEATRRV VSEIPVLKTN AGPRDRELWV QRLKEEYQSL 60
IRYVENNKNA DNDWFRLESN KEGTRWFGKC WYIHDLLKYE FDIEFDIPIT YPTTAPEIAV120
PELDGKTAKM YRGGKICLTD HFKPLWARNV PKFGLAHLMA LGLGPWLAVE IPDLIQKGV180
QHKEKCNQ 188

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

(A) LÄNGE: 172 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

SKFGHIPGPQ RFEMIRQAYF ATPVHLCCLS IQLRNCNFWG SSRICDRNVK LDVKLIFQEV 60
MDIPAFSKPP SSFLVGLQSE PIVVSILVVL HIPDKGLIFL LQSLHPQLTI SGSGVSLQHR120
DLRHNTSRGF IRHLGPGRKR NAEVVLPAVY LKAPSSLLWE DETLGCKTS FE 172

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 320 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

AVRRRGALSL SVGAACGLVA LWQRRRQDSG TMSGFSTEER AAPFSLEYRV FLKNEKGQYI 60
SPFHDIPIYA DKDVFMVVE VPRWSNAKME IATKDPLNPI KQDVKKGKLR YVANLFPYKG120
YIWNYGAIPO TWEDPGHNDK HTGCCGDNDP IDVCEIGSKV CARGEIIGVK VLGILAMIDE180
GETDWKVIAI NVDDPDAANY NDINDVKRLK PGYLEATVDW FRRYKVPDGK PENEFAFNAE240
FKDKDFAIDI IKSTHDHWA LVTKKTNGKG ISCMNTTLSE SPFKCDPDAA RAIVDALPPP300
CESACTVPTD VDKWFHHQKN 320

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

(A) LÄNGE: 85 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

RVLCNLHFC IRPAWYFNYH VKHILICINW NIMKWRYILS FLIFEEDSVL QGEGRGALLG60
AEAAHSAGVL FPPLPQSHQP ARGAD 85

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

(A) LÄNGE: 247 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

GSSGSRFEVV VVLEERRGGR GRGMGRGDGF DSRGKREFDR HSGSDRSLK HEDKRGSGS 60
HNWGTVKDEL TESP KYIQKQ ISYNYSOLDQ SNVTEETPEG EEHPVADTE NKENEVEEVK120
EEGPKEMTLD EWKAIQNKDR AKVEFNIRKP NEGADGQWKK GFVLHKSSE EAAEDSVMD180
HHFRKPANDI TSQLEINFGD LGRPGRGGRG GRGGRGRGGR PNRGSRTDKS SASAPDVDDP240
EAFFPALA 247

2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

(A) LÄNGE: 78 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

SFGILKHAKA LNRRVHKGTR VVLWHPVKPE LGMPLGHPHQ EQKHLTCRSC CHGLGAHHAH60
VHLVLP CRHV LGGQGLQN 78

15 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

(A) LÄNGE: 293 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
20 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

35 ATRGAEQDGG ASAAPRRRW AGLLQRAAP CSLLPRLRTW TSSSNRSRED SWLKSLFVRK 60
VDPRKDAHSN LLAKKETS NL YKLQFHNVPK ECLEAYNKIC QEVLPKIHED KHYPC TLVGT120
WNTWYGEQDQ AVHLWRYEGG YPALTEVMNK LRENKEFLEF RKARSDMLLS RKNQLLLEFS180
FWNEPVPRSG PNIYELRSYQ LRPGMTIEWG NYWARAIRFR QDGNEAVGGF FSQIGQLY MV240
HHLWAYRDLQ TREDIRNAAW HKHGWEELVY YTVPLIQEME SRIMIPLKTS PLQ 293

40 2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

(A) LÄNGE: 208 Aminosäuren
(B) TYP: Protein
(C) STRANG: einzel
45 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

5 AHRNSTALLE GRGLQWDHDS GFHFLNKWNC VIYQFLPAMF VPCCIPYVFP GLKIPVSPKM 60
VHHVQLPNLR EESSDGFVTI LSEADCTSPV IAPFNHGSWS ELVRPEFIYI RSGSWHRLIP120
ETELQQELIL PGEKHVTSL TKFQKFLIFS EFIHDFCEGW IASFIPPEVD SLVLLAIPRV180
PSPHQSTRVV FIFVNLWQHL LTNEVVCF 208

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert,
5 umfassend
 - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273
 - 10 b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzenoder
 - 15 c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12,
20 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No 1-123, 258-273, dadurch gekennzeichnet, daß
25 sie in Ovarumorgewebe erhöht exprimiert sind.
4. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 27, 32, 42, 46, 67, 76, 78, 80, 85, 88, 90, 108,
30 112, dadurch gekennzeichnet, daß sie auch in Brustumorgewebe erhöht exprimiert sind.
5. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre
35 chromosomale Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID No 1-10, 12, 13, 15, 16, 18-36, 38-57, 258-273, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
40 gekennzeichnet, daß sie eine 90% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch
45 gekennzeichnet, daß sie eine 95% ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
8. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6
50 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 7 hybridisieren.

9. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
- 5 10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
- 10 11. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
- 15 12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
- 20 13. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
- 25 14. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 12 und 13, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
- 30 15. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
- 35 16. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 15 erhältlich ist.
- 40 17. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
- 45 18. Wirtszelle gemäß Anspruch 17, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
- 50 19. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 17 oder 18, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.

20. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 17 bis 19 kultiviert werden.

5

21. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 kodiert wird, das gemäß Anspruch 20 erhältlich ist.

10

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

15

23. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20 dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.

24. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307.

20

25. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

25

26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.

30

27. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann.

28. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 in einem Phage Display Verfahren.

35

29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß Anspruch 3 in einem Phage Display Verfahren.

40

30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom.

45

31. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen das Ovarialkarzinom verwendet werden können.

50

32. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273 in sense oder antisense Form.
- 5 33. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Ovarialkarzinom.
- 10 34. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No 124-257, 274-307, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen das Ovarialkarzinom.
- 15 35. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No 124-257, 274-307.
- 20 36. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.
37. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist.
- 25 38. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No 1-123, 258-273.
- 30 39. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 36, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.
- 35 40. Verwendung gemäß Anspruch 39, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/ oder Enhancer ist.
- 40 41. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

1/10

Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

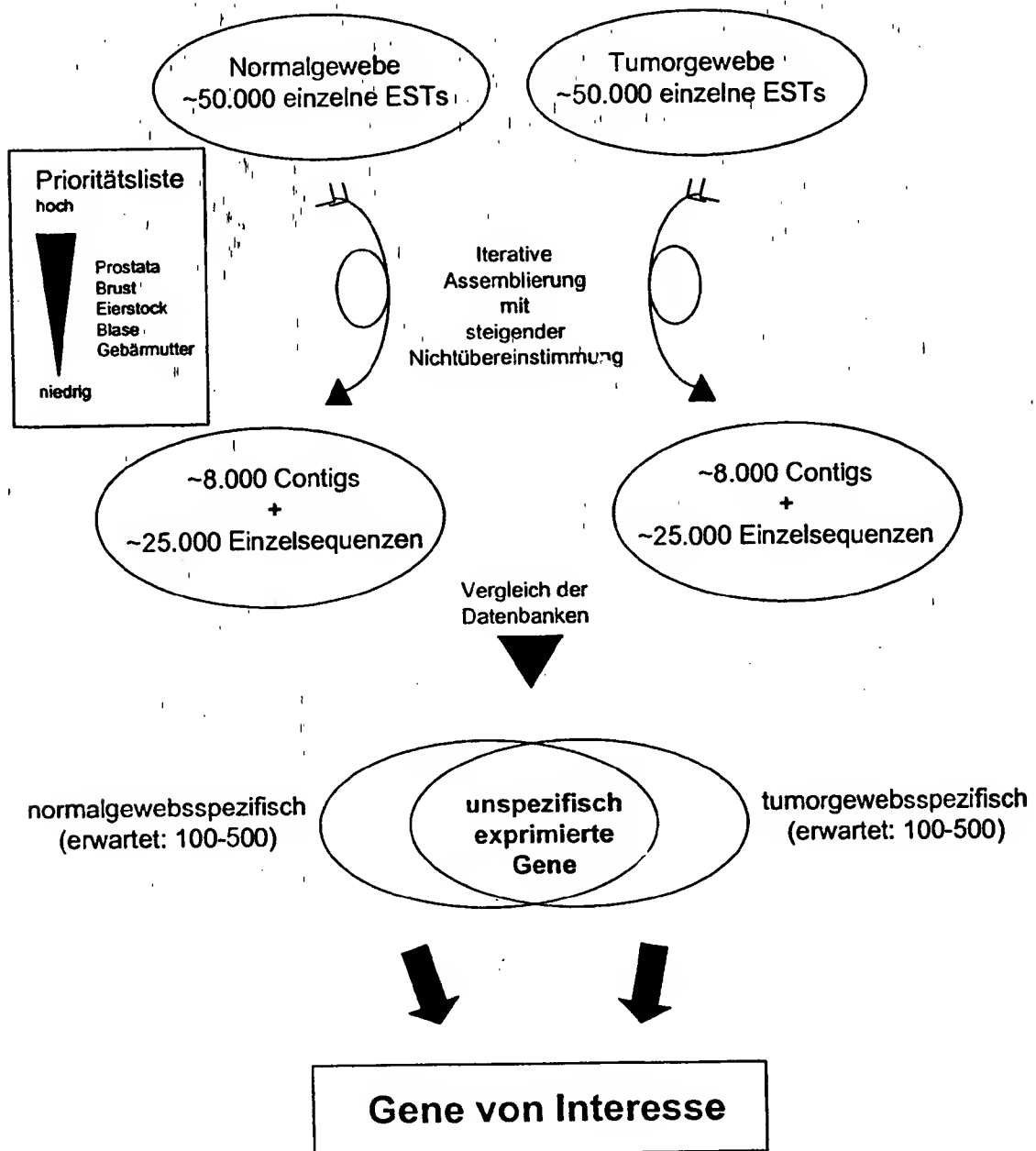


Fig. 1

2/10

Prinzip der EST-Assemblierung

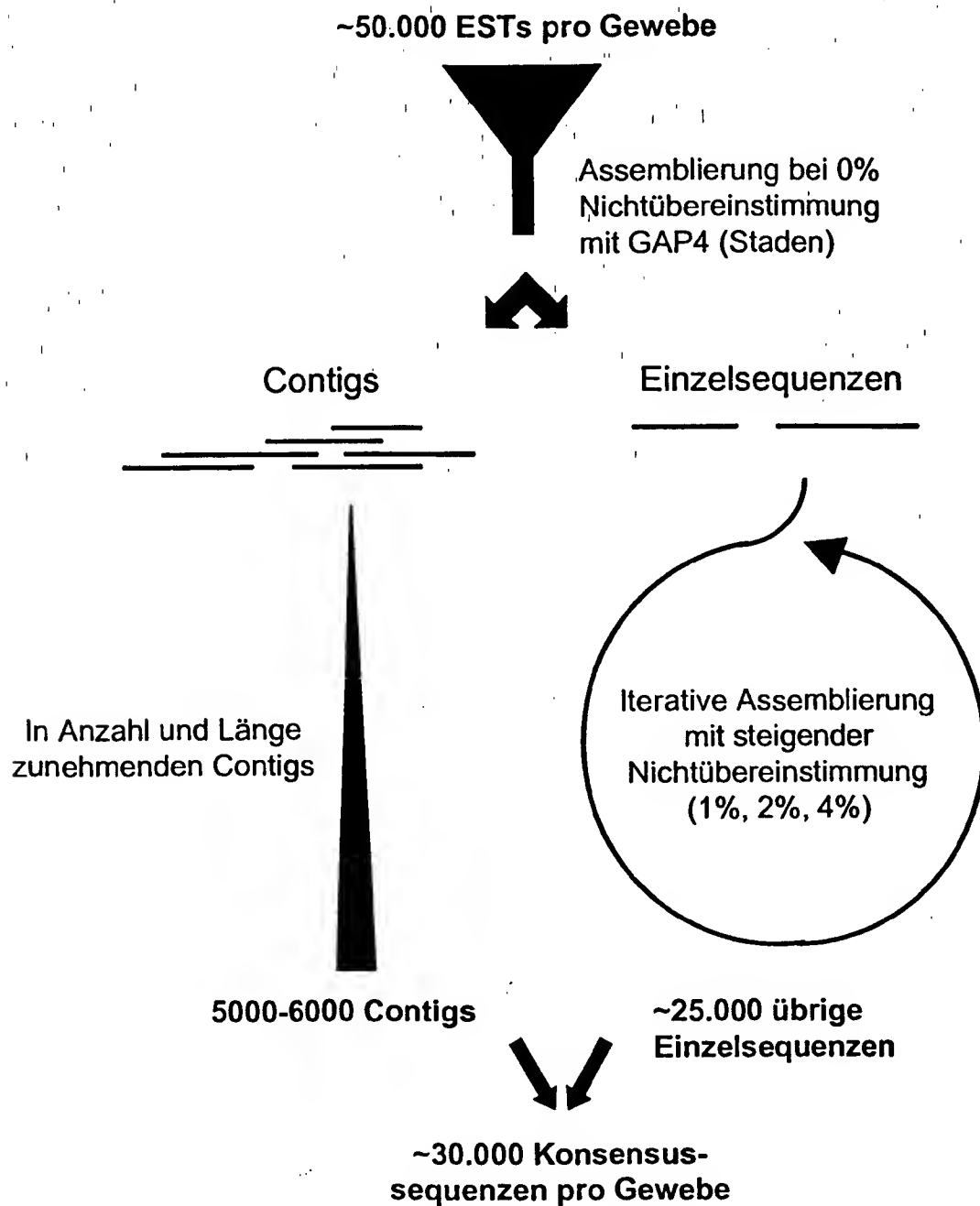


Fig. 2a

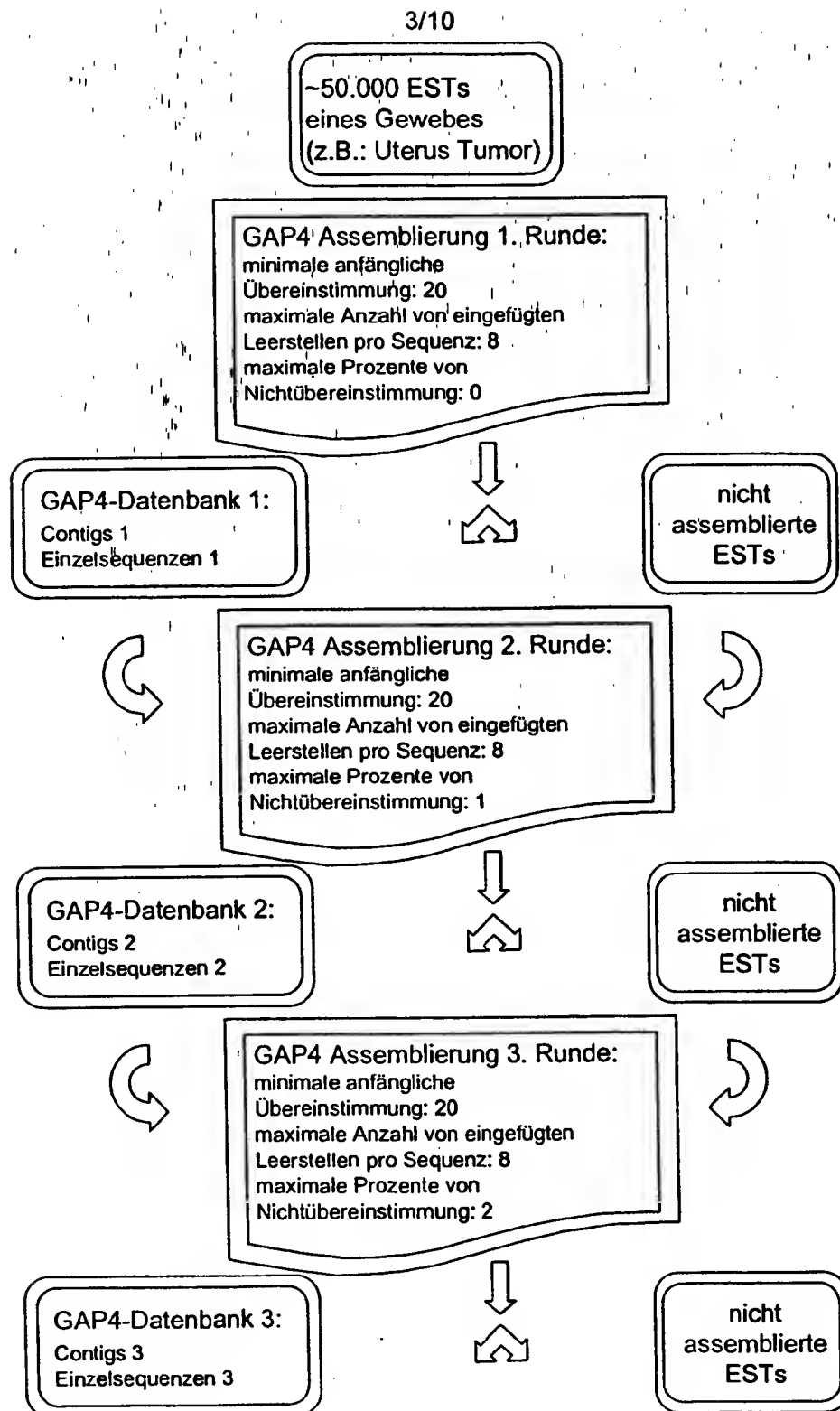


Fig. 2b1

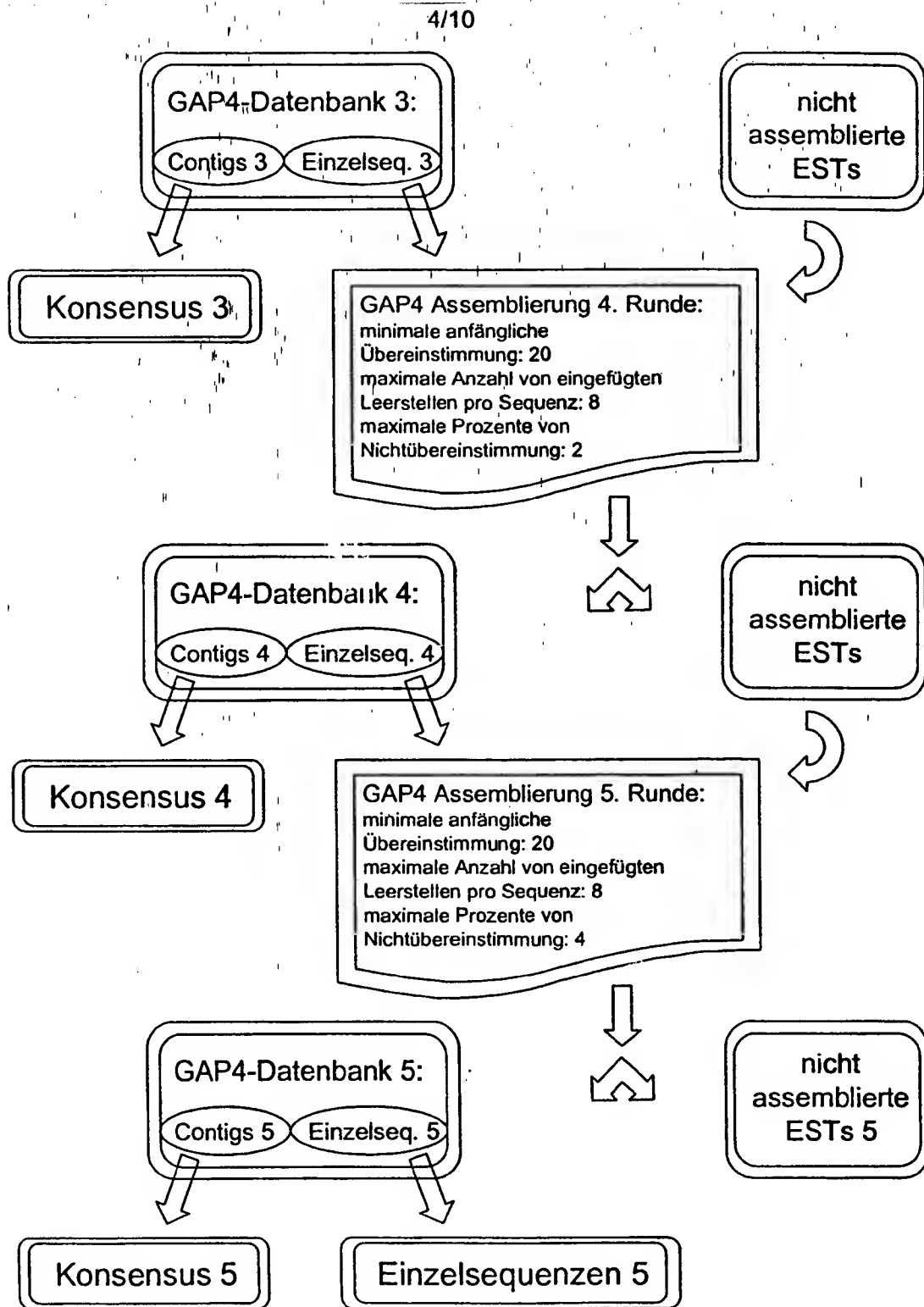


Fig. 2b2

5/10

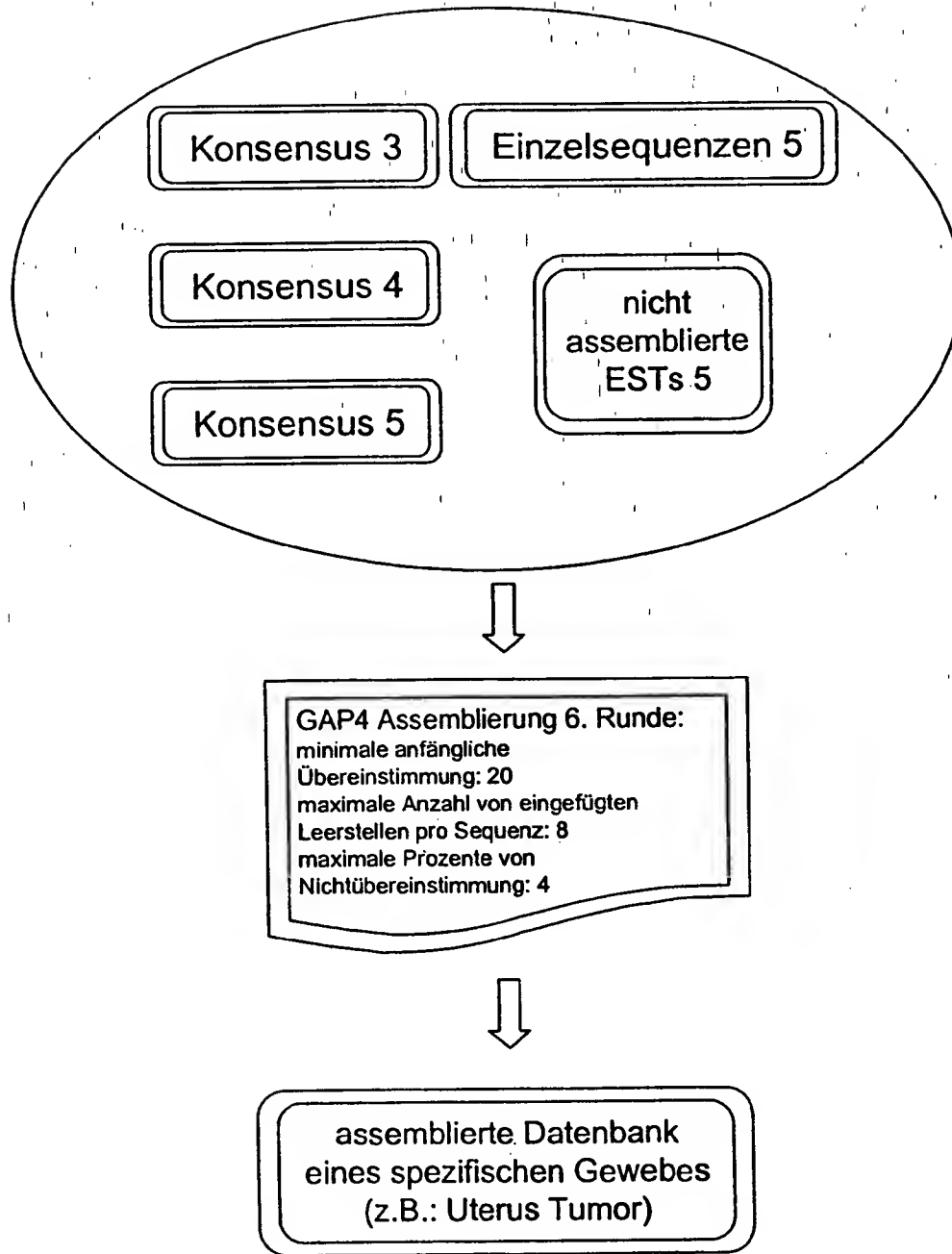


Fig. 2b3

6/10

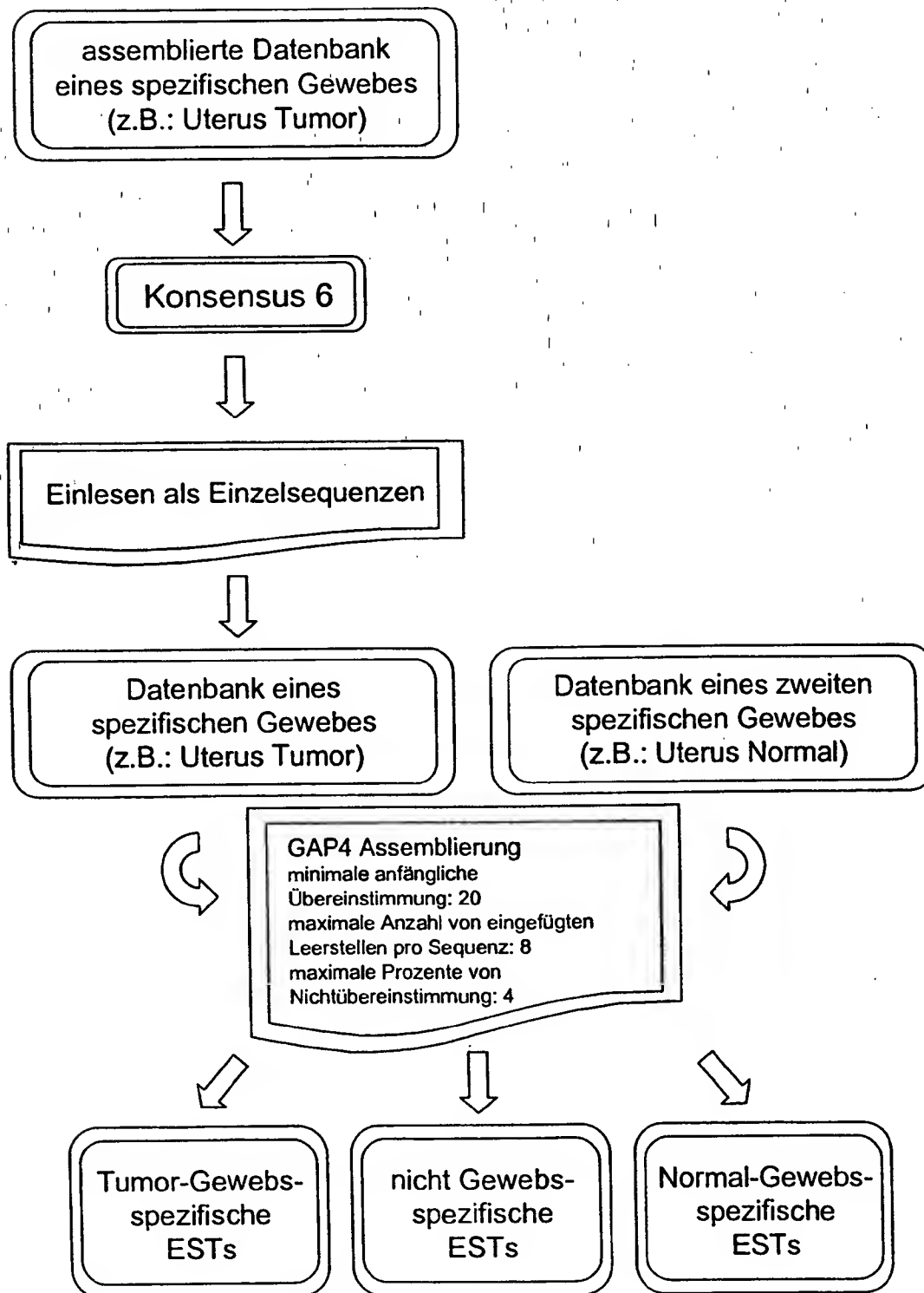


Fig. 2b4

7/10

In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

~30.000 Konsensussequenzen
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen
Tumorgewebe

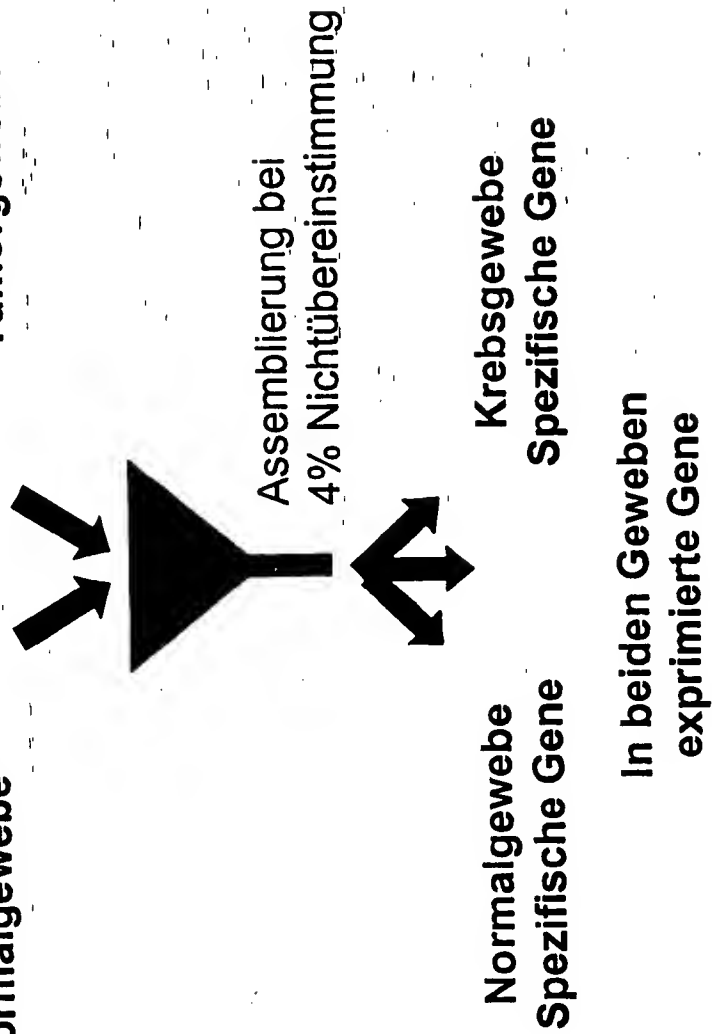


Fig. 3

8/10

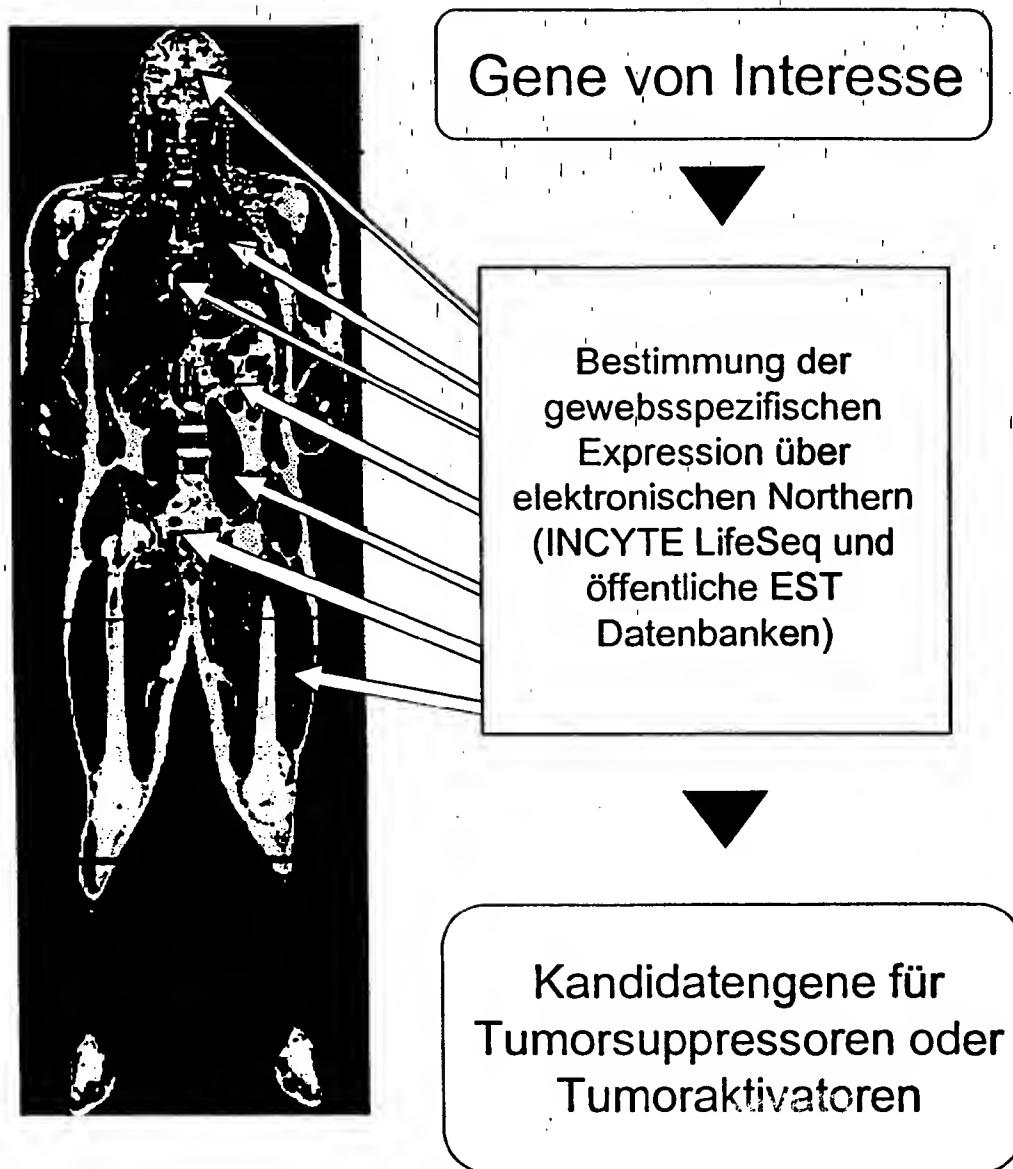


Fig. 4a

9/10

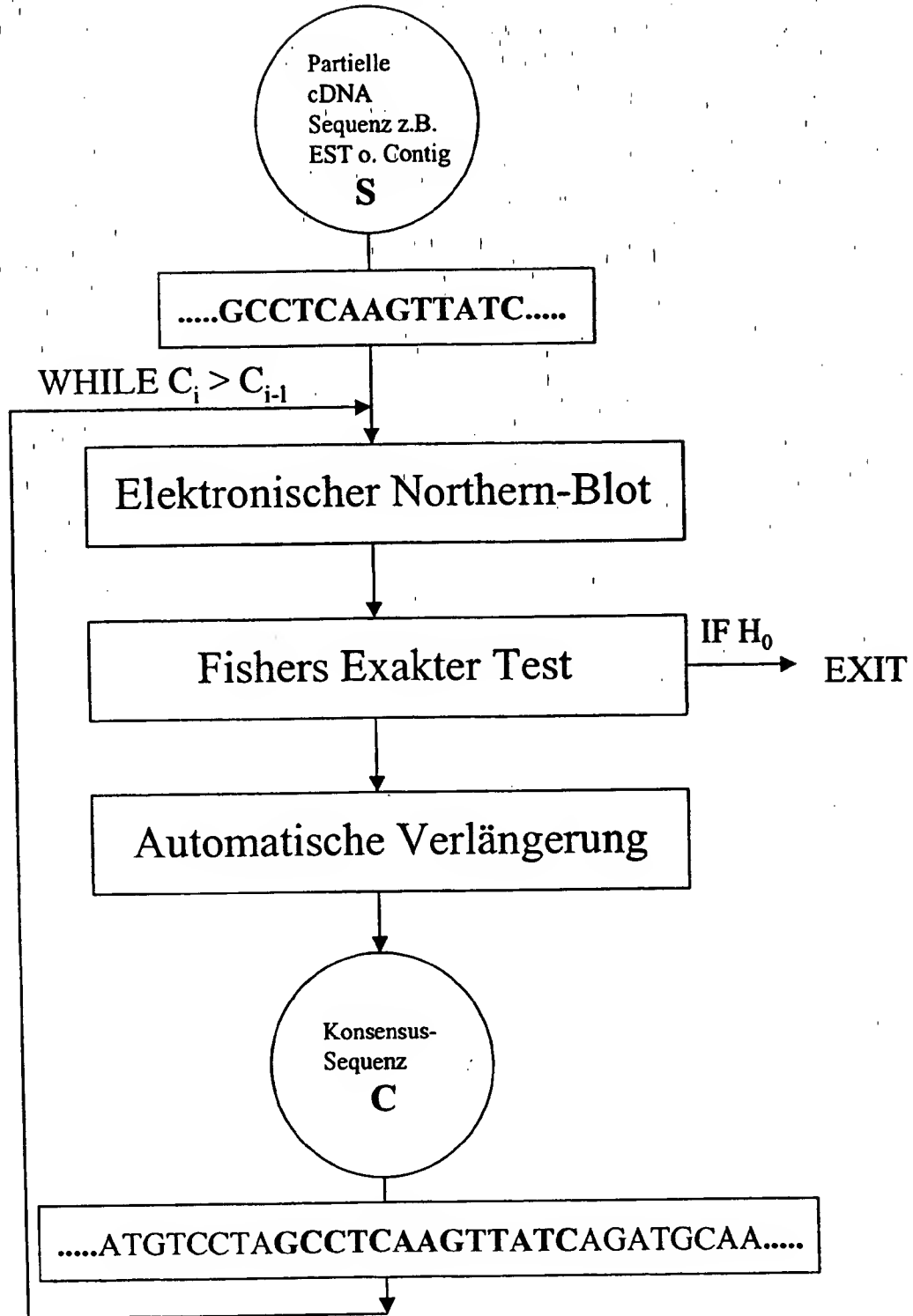


Fig. 4b

10/10

Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen



Chromosomale Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomale Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5

PCTWELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales BüroINTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C07K 14/82, 14/335, 14/705, C12Q 1/68, C12N 15/10, G01N 33/574	A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 99/53040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 21. Oktober 1999 (21.10.99)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/DE99/01087 (22) Internationales Anmeldedatum: 7. April 1999 (07.04.99) (30) Prioritätsdaten: 198 17 557.4 9. April 1998 (09.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): META- GEN GESELLSCHAFT FÜR GENOMFORSCHUNG MBH [DE/DE]; Ihnestrasse 63, D-14195 Berlin (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): SPECHT, Thomas [DE/DE]; Grabenstrasse 14, D-12209 Berlin (DE). HINZMANN, Bernd [DE/DE]; Parkstrasse 19, D-13127 Berlin (DE). SCHMITT, Armin [DE/DE]; Laubacher Strasse 6/II, D-14197 Berlin (DE). PILARSKY, Christian [DE/DE]; Heinrich-Lange-Strasse 13c, D-01474 Schönfeld-Weißig (DE). DAHL, Edgar [DE/DE]; Eleonore-Procheska-Strasse 6, D-14480 Potsdam (DE). ROSENTHAL, André [DE/DE]; Koppenplatz 10, D-10115 Berlin (DE).	(81) Bestimmungsstaaten: JP, US, europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE). Veröffentlicht <i>Mit internationalem Recherchenbericht.</i> (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchenbe- richts: 6. Juli 2000 (06.07.00)	
(54) Title: HUMAN NUCLEIC ACID SEQUENCES FROM OVARIAN TUMOUR TISSUE (54) Bezeichnung: MENSCHLICHE NUKLEINSÄURESEQUENZEN AUS OVARTUMORGEWEBE (57) Abstract <p>The invention relates to human nucleic acid sequences – mRNA, cDNA, genome sequences – of ovarian tumour tissue, which code for gene products or parts of these products, and to their use. The invention also relates to the polypeptides obtained by way of these sequences and to the use of same.</p> (57) Zusammenfassung <p>Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen – mRNA, cDNA, genomische Sequenzen – aus Ovariumgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben. Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.</p>		

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Appl. No.

PCT/DE 99/01087

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC 6 C07K14/82 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10 G01N33/574		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols): IPC 6 C07K C12Q C12N G01N		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	YU. W. ET AL.: "Large-scale concatenation cDNA sequencing" GENOME RESEARCH, vol. 7, 1997, pages 353-358, XP002128368 abstract	1-41
P, X	& DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID, AC AF131807, 15 March 1999 (1999-03-15) "gene from human infant brain tissue" abstract	1
X	--- DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2 October 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: "human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22" XP002128393 abstract ---	1
-/-		
<input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C. <input type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex.		
* Special categories of cited documents : <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="width: 45%;"> <p>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance</p> <p>"E" earlier document but published on or after the international filing date</p> <p>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)</p> <p>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means</p> <p>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed</p> </div> <div style="width: 45%;"> <p>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention</p> <p>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone</p> <p>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.</p> <p>"&" document member of the same patent family</p> </div> </div>		
Date of the actual completion of the international search <div style="text-align: center; font-size: 1.2em;">21 January 2000</div>		Date of mailing of the international search report <div style="text-align: center; font-size: 1.2em;">07. 04. 00</div>
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3016		Authorized officer <div style="text-align: center; font-size: 1.2em;">HERMANN R.</div>

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Intern. Patent Application No

PCT/DE 99/01087

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
Y	BOBER, M.A. ET AL.: "Differential display PCR analysis of normal, borderline and malignant ovarian epithelium" PROC. AM. ASS. CANCER RES., vol. 36, no. 0, 1995, page 227 XP002128390 abstract	1-41
Y	LIDOR, Y.J. ET AL.: "Ovarian cancer gene expression: Differential expression of genes ..." GYNECOL. ONCOL., vol. 40, no. 2, 1991, page 184 XP002128391 abstract	1-41
Y	VAN DEN BRÛLE, F.A. ET AL.: "Differential expression of the 67-kD Laminin Receptor ..." EUR. J. CANCER, vol. 30a, no. 8, 1994, pages 1096-1099, XP002128392 abstract	1-41

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/DE 99/01087

Box I Observations where certain claims were found unsearchable (Continuation of item 1 of first sheet)

This international search report has not been established in respect of certain claims under Article 17(2)(a) for the following reasons:

1. ☐ Claims Nos.:
because they relate to subject matter not required to be searched by this Authority, namely:
2. ☐ Claims Nos.:
because they relate to parts of the international application that do not comply with the prescribed requirements to such an extent that no meaningful international search can be carried out, specifically:
3. ☐ Claims Nos.:
because they are dependent claims and are not drafted in accordance with the second and third sentences of Rule 6.4(a).

Box II Observations where unity of invention is lacking (Continuation of item 2 of first sheet)

This International Searching Authority found multiple inventions in this international application, as follows:

See supplemental sheet

1. ☐ As all required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers all searchable claims.
2. ☐ As all searchable claims could be searched without effort justifying an additional fee, this Authority did not invite payment of any additional fee.
3. ☐ As only some of the required additional search fees were timely paid by the applicant, this international search report covers only those claims for which fees were paid, specifically claims Nos.:
4. ☒ No required additional search fees were timely paid by the applicant. Consequently, this international search report is restricted to the invention first mentioned in the claims; it is covered by claims Nos.:

Claims nos: 1-41 (all in part)

Remark on Protest

- ☐ The additional search fees were accompanied by the applicant's protest.
☐ No protest accompanied the payment of additional search fees.

ADDITIONAL MATTER PCT/ISA/210

Field II.4 (continued)

1. Claims nos: 1-41, all in part

Nucleic acid sequence with the SEQ ID NO. 1; variants thereof and complementary sequences; polypeptide partial sequences coded from same; their use, etc.

2. Claims nos: 1-41, all in part

INVENTIONS: 2-139:

Nucleic acid sequence with the SEQ ID NO 1, variants thereof and complementary sequences; polypeptide partial sequences coded from same; their use, etc.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen
PCT/DE 99/01087

A. KLASSIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C07K14/82 C07K14/335 C07K14/705 C12Q1/68 C12N15/10
G01N33/574

Nach der Internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole):

IPK 6 C07K C12Q C12N G01N

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	YU. W. ET AL.: "Large-scale concatenation cDNA sequencing" GENOME RESEARCH, Bd. 7, 1997, Seiten 353-358, XP002128368 Zusammenfassung	1-41
P,X	& DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID, AC AF131807, 15. März 1999 (1999-03-15) "gene from human infant brain tissue" Zusammenfassung	1
X	--- DATABASE EMBL/GENBANK [Online] ID HS250D10; AC Z99716, 2. Oktober 1997 (1997-10-02) CLARK, G.: "human DNA sequence from clone 250D10 on chromosome 22" XP002128393 Zusammenfassung ---	1
	-/--	

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☐ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen:

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"&" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

21. Januar 2000

Absendedatum des internationalen Recherchenberichts

02.04.00

Name und Postanschrift der Internationalen Recherchenbehörde
Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3018

Bevollmächtigter Bediensteter

HERMANN R.

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01087

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
Y	BOBER, M.A. ET AL.: "Differential display PCR analysis of normal, borderline and malignant ovarian epithelium" PROC. AM. ASS. CANCER RES., Bd. 36, Nr. 0, 1995, Seite 227 XP002128390 Zusammenfassung	1-41
Y	LIDOR, Y.J. ET AL.: "Ovarian cancer gene expression: Differential expression of genes ..." GYNECOL. ONCOL., Bd. 40, Nr. 2, 1991, Seite 184 XP002128391 Zusammenfassung	1-41
Y	VAN DEN BRÛLE, F.A. ET AL.: "Differential expression of the 67-kD Laminin Receptor ..." EUR. J. CANCER, Bd. 30a, Nr. 8, 1994, Seiten 1096-1099, XP002128392 Zusammenfassung	1-41

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/DE 99/01087

Feld I Bemerkungen zu den Ansprüchen, die sich als nicht recherchierbar erwiesen haben (Fortsetzung von Punkt 2 auf Blatt 1)

Gemäß Artikel 17(2)a) wurde aus folgenden Gründen für bestimmte Ansprüche kein Recherchenbericht erstellt:

1. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Gegenstände beziehen, zu deren Recherche die Behörde nicht verpflichtet ist, nämlich _____
2. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil sie sich auf Teile der internationalen Anmeldung beziehen, die den vorgeschriebenen Anforderungen so wenig entsprechen, daß eine sinnvolle internationale Recherche nicht durchgeführt werden kann, nämlich _____
3. ☐ Ansprüche Nr. _____
weil es sich dabei um abhängige Ansprüche handelt, die nicht entsprechend Satz 2 und 3 der Regel 6.4 a) abgefaßt sind.

Feld II Bemerkungen bei mangelnder Einheitlichkeit der Erfindung (Fortsetzung von Punkt 3 auf Blatt 1)

Die internationale Recherchenbehörde hat festgestellt, daß diese internationale Anmeldung mehrere Erfindungen enthält:

Siehe Zusatzblatt

1. ☐ Da der Anmelder alle erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht auf alle recherchierbaren Ansprüche.
2. ☐ Da für alle recherchierbaren Ansprüche die Recherche ohne einen Arbeitsaufwand durchgeführt werden konnte, der eine zusätzliche Recherchegebühr gerechtfertigt hätte, hat die Behörde nicht zur Zahlung einer solchen Gebühr aufgefordert.
3. ☐ Da der Anmelder nur einige der erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren rechtzeitig entrichtet hat, erstreckt sich dieser internationale Recherchenbericht nur auf die Ansprüche, für die Gebühren entrichtet worden sind, nämlich auf die Ansprüche Nr. _____
4. ☒ Der Anmelder hat die erforderlichen zusätzlichen Recherchegebühren nicht rechtzeitig entrichtet. Der internationale Recherchenbericht beschränkt sich daher auf die in den Ansprüchen zuerst erwähnte Erfindung; diese ist in folgenden Ansprüchen enthalten:

1 - 41 (alle teilweise)

Bemerkungen hinsichtlich eines Widerspruchs

☐ Die zusätzlichen Gebühren wurden vom Anmelder unter Widerspruch gezahlt.

☐ Die Zahlung zusätzlicher Recherchegebühren erfolgte ohne Widerspruch.

WEITERE ANGABEN

PCT/ISA/ 210

1. Ansprüche: 1-41, alle teilweise

Nukleinsäuresequenz mit der SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.

2. Ansprüche: 1-41, alle teilweise

ERFINDUNGEN 2-139:

Nukleinsäuresequenz mit der SEQ ID NO 1, Varianten davon und komplementäre Sequenzen; davon kodierte Polypeptid-Teilsequenzen; deren Verwendung, etc.